

ISTITUTO SUPERIORE DI SANITÀ

Workshop Nazionale di Epidemiologia Veterinaria

**Epidemiologia veterinaria:
nuovi strumenti per lo studio delle malattie**

Abano Terme, 13-14 settembre 2007

RIASSUNTI

A cura di

Manuela Dalla Pozza (a), Alessandra Sartor (a),
Gaia Scavia (b), Susan Babsa (b) e Luca Busani (a,b)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

*(b) Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale,
Istituto Superiore di Sanità, Roma*

ISSN 0393-5620
ISTISAN Congressi
07/C5

Istituto Superiore di Sanità

Workshop Nazionale di Epidemiologia Veterinaria. Epidemiologia veterinaria: nuovi strumenti per lo studio delle malattie. Abano Terme, 13-14 settembre 2007. Riassunti.

A cura di Manuela Dalla Pozza, Alessandra Sartor, Gaia Scavia, Susan Babsa e Luca Busani
2007, vi, 115 p. ISTISAN Congressi 07/C5 (In italiano e inglese)

Organizzato dall'Istituto Superiore di Sanità e dall'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, il Workshop ha l'obiettivo di presentare attività di epidemiologia veterinaria svolte in stretta cooperazione con altri settori della sanità, ai fini di una migliore tutela della salute pubblica. Questa terza edizione ha come argomento caratterizzante la presentazione di strumenti innovativi per lo studio della dinamica delle malattie nelle popolazioni animali e per gli aspetti di sanità pubblica correlati. In particolare si presenteranno utilità e applicazioni di modelli epidemiologici per malattie infettive, uso delle informazioni generate dai laboratori (*molecular typing*) nelle indagini epidemiologiche e aspetti epidemiologici delle zoonosi. Il Workshop mantiene lo stretto legame con il Programma di Formazione in Epidemiologia Applicata (PROFEA), e ha lo scopo di presentare strumenti scientifici innovativi calandoli in una realtà applicativa, per supportare gli interventi e le attività dei servizi sanitari.

Parole chiave: Epidemiologia, Sanità pubblica veterinaria, Zoonosi, Sorveglianza

Istituto Superiore di Sanità

Italian National Workshop on Veterinary Epidemiology. New tools for the control of the infectious diseases and zoonoses. Abano Terme, 13-14 September 2007. Abstract book.

Edited by Manuela Dalla Pozza, Alessandra Sartor, Gaia Scavia, Susan Babsa and Luca Busani
2007, vi, 115 p. ISTISAN Congressi 07/C5 (in Italian and English)

The aim of the Workshop, organized by the Istituto Superiore di Sanità and the Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, is to promote the epidemiology among veterinarians, the integration between human and animal health professionals, the application of new scientific tools to support the decision making process and the PROFEA (Italian training program in applied epidemiology) activities. In this third edition, epidemiological modelling of the dynamic of diseases in animal populations to better understand the interaction between pathogens, animals and environment and the contribution of the laboratory results and molecular tools in veterinary public health are the main topics of the workshop. It is addressed to veterinarians, biologists, medical doctors and researchers that are involved in animal disease control and prevention, surveillance of animal and zoonotic diseases, food safety and risk analysis.

Key words: Epidemiology, Veterinary public health, Zoonoses, Surveillance

Responsabile Scientifico: Luca Busani

Per informazioni su questo documento scrivere a: susan.babsa@iss.it

Il rapporto è disponibile online sul sito di questo Istituto: www.iss.it

Presidente dell'Istituto Superiore di Sanità e Direttore responsabile: *Enrico Garaci*
Registro della Stampa - Tribunale di Roma n. 131/88 del 1° marzo 1988

Redazione: *Paola De Castro, Egiziana Colletta e Patrizia Mochi*
La responsabilità dei dati scientifici e tecnici è dei singoli autori.

© 2007 Istituto Superiore di Sanità (Viale Regina Elena, 299 - 00161 Roma)

INDICE

Programma	iii
Nota per la consultazione	vi
Relazioni	1
Comunicazioni e Poster	11
Indice degli autori	111

PROGRAMMA

Giovedì 13 settembre 2007

13.30 Registrazione dei partecipanti

14.30 Indirizzo di benvenuto

15.00 *Examples and use of epidemiological models for the control of infectious diseases*
Arjan Stegeman

15.45 Intervallo

16.15 Presentazioni libere

Modello di analisi quantitativa del rischio Listeria monocytogenes in salmone affumicato
Angela Vullo

Gastroenteriti in età pediatrica: indagine retrospettiva sui principali agenti zoonosici
Arianna Comin

Leishmaniasi canina e vettori: indagine trasversale in Umbria
Carmen Maresca

Distribuzione delle zecche Ixodidae nel Parco dell'Appennino Tosco-Emiliano in relazione all'habitat e alla frequentazione di ungulati
Donal Bisanzio

Un modello di tossinfezione da Salmonella
Giuseppe Noce

17.30 *Definizione dei criteri microbiologici per gli alimenti sulla base del risk assessment*
Antonia Ricci

18.30 Discussione e conclusioni

Venerdì 14 settembre 2007

- 9.00 *Zoonosi: quale impatto sulla salute umana?*
Stefania Salmaso
- 9.45 *Zoonosi: importanza e ruolo dei veterinari nelle nuove emergenze*
Massimo Fabbi
- 10.30 Intervallo
- 11.00 Presentazioni libere
La biologia molecolare applicata alle piroplasmosi degli animali selvatici
Roberta Galuppi
- Epidemie di gastroenterite da Norovirus in Italia 2005-2007*
Ilaria Di Bartolo
- Indagine sulla rilevanza sanitarie delle zoonosi nel Triveneto*
Katia Capello
- Caratterizzazione dei ceppi di Borrelia lusitania mediante analisi di 5S-23S Intergenic Region, OSPA e Flagellin Gene*
Luigi Bertolotti
- West Nile Disease: studio trasversale nei cavalli del Padule di Fucecchio e valutazione retrospettiva per coorte di nascita nel periodo 1999-2006*
Marcello Sala
- Studio trasversale "PASSI - 2006".
La sicurezza alimentare in ambito domestico e la prevalenza degli episodi di diarrea*
Marco Cristofori
- La sorveglianza del contenuto in cellule somatiche nel latte bovino.
Una risposta operativa*
Marco Tamba
- Un modello matematico per la simulazione della PSC nel cinghiale*
Massimo Fenati
- 13.00 Intervallo
- 14.30 *L'epidemiologia molecolare come strumento di indagine nello studio della trasmissione delle malattie infettive*
Luigi Bertolotti

15.15 Presentazioni libere

*Diversità genetica del virus della Diarrea Virale del bovino
in Italia: identificazione di nuovi genotipi virali*

Monica Giammarioli

*Babesiosi dei ruminanti domestici e selvatici in Italia nord-orientale:
rischio zoonosico?*

Rudi Cassini

Analisi spaziale e temporale dei focolai di Bluetongue in Sardegna

Salvatore Farina

Bluetongue in Sardegna: 5 anni di sorveglianza entomologica

Sandro Rolesu

Focolaio di Campylobatteriosi associato al consumo di latte crudo in Italia

Serena Amato

*Isolamento di Escherichia coli verocitotossici O157 e O26
dal contenuto intestinale, tonsille e linfonodi meseraici di bovini macellati*

Silvia Bonardi

*La sorveglianza della scrapie in Italia:
target genetico d'ospite e ceppi di agente*

Francesca Scolamacchia

17.00 Conclusione e chiusura dei lavori

NOTE PER LA CONSULTAZIONE

Il presente lavoro raccoglie le relazioni, le comunicazioni e i poster presentati al Workshop.

I lavori sono divisi in due sezioni:

- **Relazioni**
Contiene le relazioni secondo l'ordine previsto nel programma;
- **Comunicazioni e Poster**
Le comunicazioni sono presentate in ordine alfabetico del primo autore; i poster sono contrassegnati con la lettera P.

Alla fine del volume è presente un indice degli autori di ogni singolo contributo.

Relazioni

EXAMPLES AND USE OF EPIDEMIOLOGICAL MODELS FOR THE CONTROL OF INFECTIOUS DISEASES

Arjan Stegeman

Department of Farm Animal Health, Utrecht University, The Netherlands

Our domesticated animal population in the European Union is permanently at risk for the reintroduction of trans-boundary diseases like foot and mouth disease, classical swine fever and avian influenza. Because these diseases have a devastating effect on the animal husbandry in the affected region, quick elimination of the causative agent is of utmost importance. However, due to the contagious nature of the diseases, the control of such epidemics is a challenging issue. Especially when regions with large farms and a high stocking density are affected, the choice of the optimal prevention and intervention measures is often not straightforward. Epidemiological models can help in choosing the optimal measures, because they force us to describe this complex situation in a simpler and more structured way. A simple epidemic model assumes that a population consists of susceptible (S), Infectious (I) and recovered individuals. In this model infectious individuals become infected at a rate equal to $\beta SI/N$ (β , number of new infections caused by an infectious individual per unit of time; N, total number of individuals) and recover at a rate αI (α , inverse of the infectious period). Next, β/α gives the reproduction ratio, R, the average number of new infections caused by one infectious individual. This is a key parameter in infectious disease epidemiology, because it indicates whether an infection will end up in a major outbreak ($R>1$) or will fade out in the beginning ($R<1$). Consequently, effective intervention measures should result in $R<1$. The reproduction ratio associated with preventive and intervention measures can be assessed in experiments, but also in the field situation. Moreover, the model can also be applied to farms instead of individuals as the unit of interest. In the remainder of the talk I will demonstrate examples of the use of epidemiological models in the control of foot and mouth disease, classical swine fever and avian influenza. One should, however, bear in mind that models are always a simplification of reality. The challenge, however, is that this simplified model describes an essential part of the infectious diseases reality in a useful way.

DEFINIZIONE DEI CRITERI MICROBIOLOGICI PER GLI ALIMENTI SULLA BASE DEL RISK ASSESSMENT

Antonia Ricci, Federica Barrucci

Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

Per molti anni le autorità responsabili della sicurezza alimentare hanno stabilito limiti e criteri (per es. criteri microbiologici), al fine di distinguere il prodotto accettabile da quello non accettabile, basandosi sull'esperienza, sulla ricerca scientifica o sull'opinione di esperti in processi produttivi. Tuttavia, con la recente evoluzione e diffusione delle tecniche di analisi del rischio microbiologico, i decisori politici, le agenzie internazionali (come il *Codex Alimentarius*) e le industrie sono diventate consapevoli della possibilità di mettere in relazione in modo trasparente e obiettivo la definizione di limiti e criteri con il livello di salute pubblica desiderato (*ALOP, Appropriate Level of Protection*) attraverso la valutazione del rischio. Nel *Procedural Manual* 15th ed. del Codex vengono quindi introdotti i concetti di *Food Safety Objective* (FSO), *Performance Objective* (PO), *Performance Criterion* (PC), *Microbiological Criterion* (MC) per definire i livelli limite di pericolo in specifici punti della catena produttiva alimentare, stabiliti in modo da soddisfare la richiesta dell'ALOP. In particolare si definisce:

- *Food Safety Objective*: la massima frequenza e/o concentrazione di pericolo nell'alimento al momento del consumo che garantisce il livello di protezione stabilito;
- *Performance Objective*: la massima frequenza e/o concentrazione di pericolo nell'alimento in una specifica fase della catena produttiva (prima del consumo) che garantisce il FSO o il livello di protezione stabilito;
- *Performance Criterion*: l'effetto in termini di frequenza e/o concentrazione del pericolo in un alimento che deve essere ottenuto con l'applicazione di una o più misure di controllo al fine di soddisfare un PO o il FSO.

Il ruolo dei criteri microbiologici viene di conseguenza ampliato dall'introduzione di questi nuovi concetti. Il tradizionale test microbiologico eseguito per separare i lotti conformi dai lotti non conformi sulla base del campionamento, sarà affiancato da un nuovo e concettualmente diverso test microbiologico, finalizzato alla verifica dei limiti imposti in termini di FSO e PO. Di massima importanza è evitare la potenziale confusione che si può creare attorno a questi due strumenti: entrambi i tests dovranno essere basati su schemi di campionamento e metodiche di laboratorio, facendo però attenzione a definire un livello di sensibilità adeguato allo scopo. Nel contesto dell'analisi del rischio, è evidente che il modello per la valutazione quantitativa del rischio microbiologico (QMRA) rappresenta il legame quantitativo tra la performance raggiunta in ciascuna fase della filiera produttiva e il livello di protezione raggiunto. Infatti il modello matematico-probabilistico del QMRA descrive in termini di prevalenza e concentrazione la distribuzione del patogeno in ciascuna fase della produzione, i cambiamenti della distribuzione da una fase alla successiva e

fornisce una stima dell'esposizione del consumatore e del conseguente rischio di infezione. Mentre è generalmente riconosciuta la validità della definizione dei *targets* (FSO, PO, PC) in termini di rischio, non è stato stabilito in modo unanime come in pratica definire tali criteri. Attualmente viene messa in discussione la definizione di PO fornita dal *Codex*, in quanto la variabilità del sistema produttivo alimentare non può essere articolata come un singolo valore della frequenza e/o della concentrazione e tale definizione non è in grado di legare correttamente il PO con il corrispondente livello di protezione. Nuovi strumenti sono stati proposti per valutare la performance della filiera alimentare in una specifica fase, il più semplice e al contempo potente dei quali è il metodo grafico del *contour plot*, che consiste nel tracciare curve "equi-rischio" che rappresentano tutte le possibili concentrazioni del patogeno in un determinato punto della catena produttiva, associate a quel livello specifico di rischio finale. Il principale obiettivo di questo studio è quello di valutare la bontà di questo approccio in diversi scenari. A tal fine è stato costruito un modello, semplice, di QMRA, che descrive una generica catena di produzione alimentare e si è analizzato come cambia il *contour plot* al variare dei parametri di input del modello.

ZOONOSI: QUALE IMPATTO SULLA SALUTE UMANA?

Caterina Rizzo, Stefania Salmaso, Antonino Bella, Marta Luisa Ciofi degli Atti
Centro Nazionale di Epidemiologia, Sorveglianza e Promozione della Salute, Istituto Superiore di Sanità, Roma

Le zoonosi possono essere causate da diverse tipologie di microrganismi: batteri, parassiti, virus, rickettsiae ed altri agenti non convenzionali, e rappresentano un importante problema di sanità pubblica in Italia e nel mondo. Secondo l'OMS, infatti, negli ultimi 10 anni, circa il 75% delle malattie emergenti che hanno colpito la popolazione mondiale, sono state causate da microrganismi trasmessi direttamente da animali o da prodotti di origine animale. In particolare, a causa dei profondi cambiamenti subiti, nel corso del tempo, nella industria alimentare (per esempio: ricorso sempre maggiore ad allevamenti animali di tipo industriale, l'abitudine sempre più diffusa a consumare pasti in mense o ristoranti), hanno fatto crescere l'attenzione nei confronti delle zoonosi trasmesse attraverso gli alimenti. Lo scenario epidemiologico delle TA ha inoltre subito profondi cambiamenti, dovuti alla sia all'emergenza di nuovi agenti patogeni (quali *E. coli* produttori di verotossina, e nuovi sierotipi di *Salmonella*), che alla descrizione di nuovi veicoli di trasmissione. I dati di sorveglianza sono quindi di cruciale importanza per stimare le dimensioni del problema. In Italia, le TA rientrano nel sistema di notifica obbligatoria delle malattie infettive. Ad oggi, tale Sistema prevede che le malattie notificabili siano suddivise in 5 classi. Le classi di interesse per quanto riguarda le malattie a trasmissione alimentare sono soprattutto la classe II, che include salmonellosi, epatite A, brucellosi, tularemia e listeriosi, e la classe IV, dedicata alla notifica di focolai epidemici. I dati del sistema di notifica delle malattie infettive mostrano che in Italia sono stati segnalati nel 2005 circa 230 focolai di TA. Ogni focolaio ha coinvolto in media 5,6 pazienti (range 2-120), per un totale di circa 1.300 casi. L'Emilia-Romagna risulta essere la Regione che segnala il maggior numero di episodi (20% del totale nazionale), seguita da Piemonte (15%), Provincia Autonoma di Bolzano (14%), Lazio (10%), e da tutte le altre Regioni. I microrganismi che hanno causato questi focolai sono stati soprattutto *Salmonelle* spp. (52%), seguite dal virus dell'Epatite A (10%). Purtroppo il 26% delle segnalazioni dei focolai epidemici non presenta indicazione sulla eziologia degli episodi. Oltre ai casi associati ai focolai epidemici, le infezioni da *Salmonella* rappresentano la principale causa di TA. Infatti, nel 2005 sono stati segnalati oltre 6000 casi (dati provvisori, fonte: Ministero della Salute), provenienti per la maggior parte dalle Regioni del nord (60% nord, 21% centro, 19% sud Italia). I dati relativi alle notifiche obbligatorie hanno il vantaggio di riferirsi ad un lungo periodo di tempo, con la disponibilità di lunghe serie storiche, e di essere riferiti all'intera popolazione nazionale. Tuttavia, questi dati sono spesso poco accurati e tempestivi, e sono state affiancate nel tempo da sistemi di sorveglianza speciali. Tra questi, è particolarmente importante per le TA la rete ENTER-NET, coordinata dall'ISS e, per quanto riguarda la componente veterinaria, dall'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie. Enter-net sorveglia le infezioni da *Salmonella*, da *Escherichia coli* O157 e altri *E. coli* produttori di verocitotossina (VTEC) e le infezioni sostenute da altri batteri enteropatogeni; inoltre monitora l'antibioticoresistenza in queste specie batteriche. Nel 2005 sono stati segnalati ad ENTER-

NET 4.403 ceppi di *Salmonella* isolati dall'uomo, e nel 2006 2.638. Per il 2006, tuttavia, mancano i dati del Veneto, che nel 2005 aveva riportato circa 600 isolati. Anche per quanto riguarda ENTER-NET, il maggior numero di segnalazioni proviene dalle Regioni del nord (67% nord, 21% centro, 12% sud Italia). Emerge inoltre che per alcune Regioni, il numero di casi segnalati al sistema ENTER-NET, che non è un sistema esaustivo, è superiore a quello riportato al sistema di notifica obbligatorio. Questi dati depongono per una forte sottostima della dimensione del fenomeno, soprattutto nelle Regioni del sud Italia. Tali osservazioni impongono pertanto di attuare in tempi rapidi azioni mirate al miglioramento della sorveglianza e dell'indagine dei focolai epidemici, in modo da potere intraprendere le appropriate azioni di controllo.

ZOONOSI: IMPORTANZA E RUOLO DEI VETERINARI NELLE NUOVE EMERGENZE

Massimo Fabbi

Centro di Referenza Nazionale per la Tularemia, Centro di Referenza Nazionale per le Clamidiosi Animali, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Sezione Diagnostica, Pavia

Da sempre la medicina dell'uomo e la medicina veterinaria hanno avuto quale punto di contatto e intersezione le malattie degli animali trasmissibili all'uomo (zoonosi) incluse le malattie veicolate direttamente o indirettamente all'uomo da alimenti di origine animale. Di fatto nel corso dei secoli le due discipline, dal punto strettamente operativo, hanno corso per lo più su binari paralleli e solo in rare occasioni hanno trovato momenti di vero scambio reciproco e integrazione. La maggior parte delle malattie emergenti o quelle cosiddette riemergenti sono di origine zoonosica. Parimenti, la quasi totalità degli agenti impiegati nel bioterrorismo riconoscono ospiti e vettori nel mondo animale. Nel corso degli ultimi anni abbiamo assistito alla comparsa di nuove malattie (es. Malattia di Lyme, AIDS, Malattia da graffio del gatto, Nuova variante della Malattia di Creutzfeldt-Jakob, SARS) o assistito a sensibili modificazioni di talune altre (Dengue) legate a diversi fattori che concorrono in varia misura a modificare situazioni epidemiologiche preesistenti o a generarne di nuove; tra questi possono essere annoverati il riscaldamento globale, in grado di modificare gli spostamenti di popolazioni animali, di insetti od acari vettori di malattie (Leishmaniosi, Encefalite da zecche, encefalite *West Nile*, Malaria), la deforestazione, l'aumento degli scambi di merci legato alla cosiddetta globalizzazione, l'aumento e la rapidità degli spostamenti delle popolazioni sia a scopo turistico che commerciale, le modificazioni dei comportamenti sociali quali quelli di tipo alimentare (aumento delle richieste di piatti pronti minimamente processati) o di tipo ricreativo (maggiori e più stretti contatti con la natura). Alcuni recenti eventi epidemici che hanno avuto un forte impatto socio-economico come la BSE o la paventata pandemia di influenza aviaria da virus di tipo H5 N1, hanno fatto sì che si venisse meglio a conoscenza l'importanza della professione veterinaria (in particolare Servizi veterinari delle ASL e rete degli Istituti Zooprofilattici Sperimentali) nella sorveglianza e controllo di patologie nuove o riemergenti quindi del fondamentale ruolo svolto nella prevenzione delle malattie trasmissibili dagli animali all'uomo. Né dobbiamo dimenticare l'incessante attività nei piani di eradicazione di malattie più antiche quali la tubercolosi bovina o la brucellosi. Questi aspetti trovano ancora più forza nel nostro Paese dove i servizi veterinari operano sotto un coordinamento strettamente sanitario (Ministero della Salute) a differenza di molti altri paesi in cui tali servizi operano sotto il coordinamento di ministeri con finalità prevalentemente economiche (Ministeri dell'Agricoltura).

L'EPIDEMIOLOGIA MOLECOLARE COME STRUMENTO DI INDAGINE NELLO STUDIO DELLA TRASMISSIONE DELLE MALATTIE INFETTIVE

Luigi Bertolotti

Dipartimento di Produzioni Animali, Epidemiologia ed Ecologia, Università degli Studi, Torino

Grazie all'introduzione della biologia molecolare come strumento basilare nei laboratori di ricerca e di diagnostica, le informazioni che il mondo scientifico è in grado di ottenere raggiungono livelli di precisioni estremamente importanti. Soprattutto la conoscenza delle sequenze geniche permette di caratterizzare con estrema precisione ogni organismo. Proprio dal DNA oggi si possono ottenere informazioni essenziali per studiare le relazioni che intercorrono tra diverse popolazioni: in altre parole, quelle inferenze una volta giustificate solo da caratteri morfologici o macroscopici, oggi si basano su prove più oggettive e puntuali. È per questa ragione che "molecolare" non rappresenta solo un aggettivo aggiunto a "epidemiologia", giustificato dall'utilizzo di una serie di metodiche e protocolli di amplificazione genica, ma presuppone l'impiego delle informazioni contenute nello stesso patrimonio genetico di ogni organismo in esame come fonte di informazione, affiancandosi ai tradizionali metodi di indagine epidemiologica. Molti sono gli esempi nell'applicazione dell'epidemiologia molecolare: identificare correttamente un ceppo virale permette di comprendere in che modo esso sia entrato negli allevamenti di una zona, così come permette di indirizzare una procedura di vaccinazione. La caratterizzazione dei batteri che portano a tossinfezioni alimentari permette di identificare in maniera estremamente precisa l'alimento responsabile della patologia. Lo studio delle dinamiche evolutive di una popolazione permette di meglio comprendere la sua natura e di saper meglio identificare quali siano i fattori di rischio che portano a una maggiore diffusione. Inoltre, in studi meno focalizzati alle caratteristiche di un singolo individuo o problema, lo studio di una popolazione mediante l'epidemiologia molecolare permette di conoscere a fondo le sue caratteristiche, e comprendere come si sia formata e adattata nelle differenti nicchie ecologiche. In particolare grazie a questi approcci, è stato possibile per la prima volta stimare la velocità di evoluzione di *West Nile Virus*, durante uno studio condotto in Illinois. Il risultato di questo studio, basato sull'analisi delle sequenze del gene dell'*envelope*, ha permesso di confermare la formazione di un nuovo ceppo dominante in nord America. Allo stesso modo, analizzando le informazioni filogenetiche contenute nel gene della proteina di superficie A, è stato possibile mettere in evidenza la presenza di una divisione ben caratterizzata tra gli isolati di *Borrelia lusitaniae* nell'area del bacino del Mediterraneo. In questo scenario, dove la precisione nelle indagini e la conoscenza dei fattori di rischio risultano sempre più importanti, l'epidemiologia molecolare rappresenta uno strumento molto utile, capace di aumentare notevolmente il potere di indagine e di produrre grandi quantità di dati che, insieme ai risultati delle tradizionali indagini epidemiologiche, possono fornire una base di dati completa.

Comunicazioni e Poster

P1. EPIDEMIOSORVEGLIANZA DELLA PESTE SUINA AFRICANA NELLE POPOLAZIONI SUINE SELVATICHE IN SARDEGNA

Daniela Aloï, Sandro Rolesu, Stefano Cappai, Pasquale Cossu, Anna Ladu, Maria Luisa Sanna, Gíantonella Puggioni, Simonetta Cherchi, Anna Pina Murtino, Antonio Pintore, Annalisa Oggiano

Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sardegna, Sassari

Negli ultimi anni in Sardegna, si è assistito a una recrudescenza del fenomeno epidemico della Peste Suina Africana, malattia presente a livello endemico in particolari aree dell'isola, definite ad alto rischio. Uno dei fattori di rischio, costantemente presente, è dato dalla presenza del cinghiale selvatico, quale soggetto sensibile all'infezione, dal controverso ruolo attivo di serbatoio, o passivo che subisce l'infezione. Il territorio della Sardegna è stato perciò suddiviso in areali, individuati attraverso l'uso della tecnologia Gis, nei quali organizzare la sorveglianza epidemiologica nelle popolazioni selvatiche. Nel corso delle ultime due annate venatorie, che di norma iniziano a novembre per concludersi nel gennaio successivo, sono stati eseguiti dei campionamenti statisticamente rappresentativi e significativi per la maggior parte degli areali. I risultati dei campionamenti effettuati, rappresentano pertanto un indicatore attendibile della situazione epidemiologica della Peste Suina Africana. Le positività sierologiche riscontrate e l'individuazione dell'età dei soggetti sieropositivi, correlate alla dinamica della popolazione nello stesso areale rappresentano un utile elemento nella valutazione retrospettiva per la comprensione dei fenomeni. Infatti la stima dell'incidenza della malattia valutata con la sierosorveglianza, correlata all'età del soggetto, ha consentito di trarre indicazioni sulla circolazione virale e sull'epoca di infezione. Gli areali sono stati così classificati in diverse categorie: areali senza infezione, areali con infezione recente (animali sieropositivi di età inferiore ai 6 mesi), areali con infezione prossima (animali sieropositivi con età compresa fra i 6 e i 18 mesi), areali con infezione residua recente (animali sieropositivi con età compresa fra i 18 e i 30 mesi) e infine areali con infezione residua (animali sieropositivi di età superiore ai 30 mesi). Sulla base di questa classificazione è stato possibile ridefinire l'ipotesi di rischio valutata all'interno di ciascun territorio comunale appartenente agli areali così individuati.

FOCOLAIO DI CAMPYLOBATTERIOSI ASSOCIATO AL CONSUMO DI LATTE CRUDO IN ITALIA

Serena Amato (a), Maurizio Maragno (a), Paolo Rosele (b), Maurizio Sforzi (c), Renzo Mioni (a), Lisa Barco (a), Maria Cristina Dalla Pozza (a), Keti Antonello (a), Antonia Ricci (a)

(a) Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

(b) Servizi Veterinari, Azienda Ulss 3 Regione Veneto, Marostica, Vicenza

(c) Servizio Igiene e Sanità Pubblica, Azienda Ulss 3 Regione Veneto, Bassano del Grappa, Vicenza

Le specie appartenenti al genere *Campylobacter* spp., in particolar modo le specie *C. jejuni* e *C. coli*, sono frequentemente associate a comparsa di malattia enterica nell'uomo sia nei paesi industrializzati che in quelli in via di sviluppo; le categorie di cibi finora riconosciute come coinvolte nella patogenesi sono numerose e di diversa tipologia. Il presente studio riporta un evento epidemico causato da *Campylobacter jejuni* e associato al consumo di latte crudo prodotto e commercializzato da un'azienda agricola del Veneto. In un periodo di circa quaranta giorni, compreso tra aprile e maggio 2006, l'ospedale locale ha riportato cinque casi di campilobatteriosi attribuiti alla specie *C. jejuni*. La successiva indagine epidemiologica ha messo in luce l'esistenza di una stretta associazione dei casi notificati con consumo di latte crudo prelevato da un distributore automatico posto nelle vicinanze di una scuola elementare, risultata poi frequentata da quattro dei cinque soggetti costretti a ricorrere alle cure mediche. Il Servizio Veterinario dell'ASL ha quindi disposto il prelievo immediato di due campioni di latte dal distributore automatico, oltre a successivi campionamenti nell'azienda di produzione per la ricerca del medesimo agente eziologico su aliquote di latte prelevate dal *tank* aziendale e superfici a contatto con l'alimento; i campioni raccolti dal distributore e la prima aliquota prelevata dal *tank* aziendale sono risultati positivi per *C. jejuni*. Nel corso dei sopralluoghi realizzati presso l'azienda agricola, tutti i bovini in lattazione sono stati campionati per stabilire il possibile ruolo degli animali nella contaminazione finale del prodotto alimentare; quarantacinque dei cinquantasette animali presenti in azienda, ripetutamente campionati, sono risultati positivi per *Campylobacter* spp., trentaquattro dei quali colonizzati in modo intermittente da *C. jejuni*. Quindi, i ceppi di *C. jejuni* isolati dalle bovine in lattazione e quelli isolati dal latte e dalle coproculture dei pazienti sono stati sottoposti a caratterizzazione molecolare mediante gel elettroforesi in campo pulsato (PFGE), al fine di accertare la loro possibile correlazione epidemiologica; i risultati hanno confermato il medesimo profilo di macrorestrizione negli isolati ottenuti dal latte crudo così come in quelli ottenuti dai pazienti e dalla maggior parte degli animali, sia usando l'enzima di elezione *SmaI* che l'enzima di seconda scelta *KpnI*. Tale approccio di subtipizzazione conferma il ruolo del latte in qualità di sorgente epidemica e indica come probabile evento la contaminazione fecale dell'alimento da parte degli stessi animali in lattazione, pur non essendo stata rilevata la presenza di *Campylobacter* spp. lungo il processo produttivo. Inoltre, questi risultati evidenziano come il latte non pastorizzato rappresenti un rischio rilevante di infezione da *Campylobacter* spp.

P2. FATTORI DI RISCHIO LEGATI ALL'EVENTO "MORSICATURA": UNO STUDIO PILOTA NELLE CITTÀ DI ROMA E DI ANCONA

Elisa Ambrosiani (a) Antonella Capozucca (a) Livia Malandrucchio (b) Francesca Pontecorvo (b) Alessandra Spaziani (b) Gaetano Saporito (b) Alberto Valentini (b)
(a) *UO Epidemiologia, Azienda Sanitaria Unica Regionale, Zona Territoriale n. 7, Ancona*
(b) *UO Ospedale Veterinario, Azienda USL RM/D, Roma*

L'Italia è un paese *rabies free* dal 1997 nonostante ciò, data l'importanza della malattia, sono in vigore gli art. 83 e successivi del DPR 320/54 che prevedono il controllo degli animali morsiatori da parte dei servizi veterinari del SSN. Inoltre le recenti normative sui cani appartenenti a determinate razze prevedono un controllo, al momento dell'osservazione per la profilassi antirabbica, sulle loro potenziali caratteristiche di pericolosità. Pertanto è stato condotto uno studio presso il canile comunale di Roma e presso la Zona Territoriale ASUR n. 7 di Ancona analizzando n. 1.187 denunce di morsicatura ricevute negli anni 2005 e 2006 al fine di evidenziare alcuni fattori di rischio legati alla morsicatura da animali d'affezione. Le informazioni relative alla morsicatura e all'animale morsiatore sono state ricavate, presso il canile di Roma, da un questionario compilato in parte dai proprietari dei cani al momento della osservazione per la profilassi della rabbia e in parte dal veterinario operatore, mentre nella Zona Territoriale n. 7 di Ancona si è usufruito delle routinarie informazioni raccolte dagli operatori sanitari in occasione degli interventi di controllo degli animali morsiatori. Il *data entry* e l'analisi dei dati sono state effettuate mediante il software EPIINFO versione 3.3. Sono stati considerati come possibili fattori di rischio i caratteri legati all'animale e alla sua detenzione come razza, sesso, età, ambiente di vita, frequenza uscite, provenienza dell'animale, età ingresso in famiglia; quelli legati al proprietario e al morsiato: età, sesso, se il morsiato era conosciuto, sede e tipo di lesione; infine i caratteri legati all'evento della morsicatura: luogo, come è accaduta. I risultati sono in corso di elaborazione. L'obiettivo dello studio è quello di conoscere meglio l'evento "morsicatura da animali d'affezione", mettendo in evidenza eventuali fattori di rischio per programmare azioni di prevenzione. Inoltre sarebbe auspicabile l'istituzione di un sistema di sorveglianza sui fattori di rischio legati al mondo delle morsicature da piccoli animali al fine di conoscerli, monitorarli e utilizzare tali informazioni per attività con valenza su tutto il territorio nazionale.

P3. ENCEFALITI DI S. LOUIS (1975) E WEST NILE VIRUS (2002) NELL'AREA DI CHICAGO, ILLINOIS: ANALISI SPAZIO-TEMPORALE DEI CASI E VALUTAZIONE DEI FATTORI AMBIENTALI E DEMOGRAFICI

Giuseppina Amore (a), Laura Tomassone (a), William Brown (b), Uriel Kitron (b), Marilyn O. Ruiz (b)

(a) *Dipartimento di Produzioni Animali, Ecologia ed Epidemiologia, Università degli Studi, Torino*

(b) *College of Veterinary Medicine, University of Illinois, Urbana, Illinois*

Le encefaliti di *Saint Louis* (SLE) e di *LaCrosse* erano, fino a alcuni anni fa, le infezioni arbovirali maggiormente riportate negli Stati Uniti. A partire dal 1999, il virus *West Nile* (WNV) si è diffuso da New York verso ovest, diventando l'agente arbovirale di encefalite predominante. In Illinois, le due maggiori epidemie di SLE e WNV si sono verificate rispettivamente nel 1975 e 2002 nelle contee di Cook e Dupage, interessando la città di Chicago e le zone circostanti. Al fine di confrontare l'epidemiologia delle due malattie, abbiamo analizzato il *cluster* spazio-temporale dei casi umani di SLE nel 1975 e WNV nel 2002 mediante l'utilizzo di sistemi informativi geografici (GIS) e statistica spaziale. I dati dei casi umani sono stati ottenuti dall'*Illinois Department of Public Health*, quelli del *land cover* (pre-insediamento, 1975, 1999) dall'*Illinois Department of Natural Resources*, mentre i dati di popolazione provengono dal *US Census Bureau* (1980, 2000). Le analisi spaziali sono state condotte utilizzando i casi umani sia come punti che raggruppati per esagoni di 1,8 km ciascuno. La *second-order spatial analysis* della distribuzione dei casi ha individuato *cluster* significativi a tutte le distanze sia per SLE (1975) che per WNV (2002). L'utilizzo della *global Moran's I*, applicata ai dati per esagoni, ha evidenziato *cluster* significativi per entrambe le malattie, con valori più alti per WNV. Statistiche di analisi spaziale locale (*Getis/Ord Gi*(d)* e *Anselin's Local Moran test*) hanno identificato un *hot spot* nel sud della contea di Cook sia per l'epidemia di SLE che per quella del WNV e due ulteriori *cluster* nel nord solo per WNV. I casi di SLE nel 1975 si sono verificati tra il 18 luglio e il primo ottobre, con la moda della curva epidemica all'inizio di settembre. L'epidemia di WNV nel 2002 ha avuto luogo tra il 10 luglio e il 7 ottobre, con la moda a fine agosto. Utilizzando il *Jacquez's k-nearest neighbor test* è stata valutata l'interazione spazio-temporale tra i casi, risultata significativa solo per l'epidemia di SLE. Analisi preliminari suggeriscono che le caratteristiche ambientali associate al *land cover* pre-insediamento possono spiegare alcune differenze nella distribuzione dei casi tra le due epidemie.

P4. ISOLAMENTI DI YERSINIA PSEUDOTUBERCULOSIS IN PROVINCIA DI FIRENZE

Francesca Ariano (a), Ilaria Paladini (b), Alice Piazza (b), Stefano Mangani (b), Giuseppina Trotta (b), Franco Corrias (b,c), Alessandra Belli (b), Umberto Filindri (b), Giovanni Brajon (b)

(a) *Facoltà di Agraria, Università degli Studi, Firenze*

(b) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Regioni Lazio e Toscana, Firenze*

(c) *Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore Sanità, Roma*

Molte specie selvatiche sono sempre più considerate come sentinelle ambientali, giocando un ruolo importante per la trasmissione di patologie pericolose sia per gli animali che per l'uomo: fra queste *Yersinia pseudotuberculosis*. Obiettivo del presente lavoro è valutare, attraverso la sorveglianza epidemiologica, lo stato sanitario di lagomorfi selvatici rinvenuti morti in occasione di catture per ripopolamento nelle province di Firenze, Pistoia e Prato. Inoltre, essendo nel territorio presenti pure allevamenti di suini allo stato brado, abbiamo esteso l'indagine nei confronti di quest'agente batterico anche verso suidi domestici e selvatici. Nell'anno 2006 sono pervenuti alla Sezione di Firenze dell'Istituto Zooprofilattico Sperimentale 28 lepri e 10 suidi che sono stati sottoposti a esame necroscopico e successive analisi parassitologiche, batteriologiche e virali. *Yersinia pseudotuberculosis* è stata isolata da 2 lepri rinvenute nei Comuni di Certaldo e Montespertoli, territori tra loro confinanti e da 1 suino di razza Cinta Senese, allevato nel Comune di Rufina, distante dalle precedenti zone ma con caratteristiche pedoclimatiche simili: bosco e coltivazioni con viti e olivi. Gli isolamenti sono avvenuti all'inizio della primavera, periodo indicato come favorevole nella patogenesi della malattia sia per le condizioni climatiche (basse temperature, umidità ecc.) che per fattori stressanti gli animali (sete e fame). Questa indagine condotta sugli animali selvatici da ripopolamento, ha consentito di segnalare per la prima volta in provincia di Firenze *Yersinia pseudotuberculosis* nelle lepri. Gli accertamenti di laboratorio su animali morti in occasione delle catture per ripopolamento risultano dunque essere opportuni ai fini della sorveglianza epidemiologica territoriale.

P5. L'INCIDENZA DELLE NEOPLASIE NEI CANI E NEI GATTI: UNA CORRETTA STIMA DELLE POPOLAZIONI

Elisa Baioni (a), Giuseppe Ru (b), Marta Vascellari (a), Franco Mutinelli (a)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

(b) Centro di Referenza per le Encefalopatie Animali, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta, Torino

Nell'ambito degli studi descrittivi sulle popolazioni feline e canine hanno grande rilevanza i registri tumori. Il registro avviato nel corso del 2005 nella Regione Veneto per le province di Vicenza e Venezia ha raggiunto ad aprile 2007 il suo secondo anno di rilevazione dell'incidenza. Il gruppo di ricerca si era posto tra gli obiettivi principali quello di stimare correttamente la popolazione oggetto della registrazione. Per la popolazione canina in particolare è stata fatta una prima analisi dei dati presenti in anagrafe. È stato utilizzato successivamente un modello di regressione per mettere in relazione il rapporto di cani per famiglia (calcolato in un'area della provincia di Torino nella quale era stato fatto un censimento puntuale della popolazione) con la densità di abitanti per chilometro quadrato e l'altitudine. È stato così possibile applicare il modello alla popolazione canina di Vicenza e Venezia. Per consolidare i dati ottenuti con il primo metodo ci si è avvalsi di un campione rappresentativo della popolazione umana delle due province e sono state effettuate più di 500 interviste. Questa indagine ha permesso di stabilire la struttura per età, sesso e razza della popolazione e di verificarne la percentuale iscritta in anagrafe; ha consentito inoltre di raggiungere la seconda parte dell'obiettivo: la stima della popolazione felina, la determinazione della presenza di colonie sul territorio e la definizione della percentuale di animali visitati regolarmente da un veterinario. La fase successiva del progetto è rivolta all'acquisizione di dati sui tempi di sopravvivenza degli animali colpiti dalla malattia, nel tentativo di integrare la scarsa presenza di dati in letteratura. Saranno inoltre prese in considerazione due aree, rispettivamente della provincia di Vicenza e di Venezia, considerate zone a rischio ambientale. I tassi di incidenza stimati in queste aree saranno confrontati con quelli generali delle due province e con quelli del registro tumori della provincia di Torino.

P6. PIANO CAMPIONAMENTO ALIMENTI DELLA REGIONE VENETO

Lisa Barco (a), Marzia Mancin (a), Federica Barrocci (a), Renzo Mioni (b), Antonia Ricci (a), Piero Vio (c)

(a) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Area Microbiologia Alimentare, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Padova*

(c) *Unità di Progetto Sanità Animale e Sicurezza Alimentare, Regione Veneto, Venezia*

Nella Regione Veneto a partire dal 2002 sono stati definiti piani di campionamento annuali finalizzati a programmare nel territorio regionale l'attività di sorveglianza sugli alimenti. Tali piani sono stati progressivamente rivisti nel corso degli anni. Nel 2007, anche alla luce dell'emanazione del Regolamento (CE) No 2073/2005, il programma di campionamento è stato ampiamente rimodulato, affinché possa fungere da strumento per la verifica, da parte delle autorità competenti, della rispondenza dei prodotti alimentari immessi sul mercato rispetto ai criteri di sicurezza alimentare definiti dal suddetto Regolamento. Tale programma fa parte del Piano Regionale Integrato Campionamenti, che rappresenta più in generale uno strumento di coordinamento di tutte le attività di campionamento che vengono effettuate sul territorio regionale. Per quanto riguarda gli alimenti inclusi nel piano 2007 sono state considerate le principali matrici contemplate nel Regolamento. Si è pertanto stabilito di prelevare campioni di carne lavorata, prodotti a base di latte, uova, ovoprodotti, molluschi e prodotti della pesca. Secondo le indicazioni del Regolamento, nel piano regionale, fatta eccezione per le uova e gli ovoprodotti, per cui è stato definito un campionamento in singola unità campionaria (u.c), il campionamento è stato previsto in 5 u.c. e in 9 u.c. nel caso dei prodotti della pesca destinati alla ricerca dell'istamina. Complessivamente quindi è stata pianificata l'esecuzione di 9500 analisi. La ripartizione dei campioni per ciascuna matrice presa in esame è stata definita considerando sia le prevalenze di *Salmonella* spp. e *Listeria monocytogenes*, stabilite nel corso dei precedenti piani, sia l'importanza delle singole tipologie alimentari nella realtà produttiva del territorio. Per alcuni alimenti è stata definita una numerosità campionaria che permettesse di rilevare uno specifico incremento di prevalenza dei patogeni presi in considerazione, mentre per altre matrici, per le quali nei piani precedenti erano state rilevate prevalenze molto basse, è stato stabilito un numero di campioni che permettesse, qualora risultassero tutti negativi, di escludere la presenza del patogeno a un determinato livello di prevalenza. Nel piano inoltre è stato stabilito che la maggior parte dei campioni (80%) venga prelevata negli stabilimenti di produzione, avendo cura di campionare i prodotti pronti per l'immissione sul mercato, mentre il rimanente 20% nei punti di vendita al dettaglio. I campioni sono stati ripartiti tra le Az. ULSS presenti sul territorio regionale considerando l'anagrafica degli stabilimenti produttivi, mentre per la ripartizione dei prelievi da effettuare nei punti di vendita al dettaglio è stata considerata la popolazione residente nei comuni di competenza delle singole Az. ULSS (dati censimento 2001). Il piano prevede obbligatoriamente la ricerca dei parametri analitici di sicurezza alimentare

stabiliti nel Regolamento e quindi *Salmonella* spp. *Listeria monocytogenes*, Enterotossine stafilococciche, *E. coli* e istamina. Il Piano Campionamento Alimenti della Regione Veneto rappresenta un valido esempio di applicazione di criteri epidemiologici alla attività routinaria di vigilanza sugli alimenti. Tale approccio, assolutamente perfettibile negli aspetti di qualità e significatività dei dati, permetterà di ottenere informazioni utilizzabili nell'ambito di studi di valutazione microbiologica del rischio alimentare, da cui emergeranno elementi fondamentali per la pianificazione delle future attività.

P7. ECHINOCOCCUS GRANULOSUS HORSE STRAIN (G4): FIRST IDENTIFICATION IN CONTINENTAL ITALY

Giorgio Battelli (a), Roberta Galuppi (a), Giovanni Garippa (b), Giorgio Micagni (c), Rossana Pantaleoni (c), Anna Paola Pipia (b), Antonio Scala (b), Antonio Varcasia (b)

(a) *Dipartimento di Sanità Pubblica Veterinaria e Patologia Animale, Università degli Studi, Bologna*

(b) *Dipartimento di Biologia Animale, Sezione di Parassitologia e Malattie Parassitarie, Università degli Studi, Sassari*

(c) *Servizio Veterinario AUSL, Reggio Emilia*

Echinococcus granulosus shows a great intraspecific variation in relation to host specificity, epidemiology, morphology, developmental biology, physiology, biochemistry and genetics. This variability led to the identification of 10 different genotypes and genetic variants of the parasite (G1-G10). In horses, cystic echinococcosis (CE) has a quite low diffusion and seems to be strictly correlated to species-specific infection with horse own subspecific variant of *E. granulosus*, named in the past *E. granulosus equinus*, and, after biomolecular characterization, G4 or horse strain. Recently, several authors have proposed to elevate the G4 strain to a separate species named *E. equinus*. Other strains of *E. granulosus*, like the common sheep strain or G1, could infect the horse, but the parasite usually is unable to develop and only small caseous or calcified cysts could be observed in the infected animals. In Europe, the first identification of G4 was performed in Spain in 1998. In Italy, data on equine CE are scarce and aged. In 1960, in Sardinia, one donkey resulted infected; liver sterile cysts with morpho-structural characteristics different from *E. granulosus equinus* were described. The first (and probably unique) morpho-biological description of *E. granulosus* in horses was made in 1967 in animals from Sicily. The G4 strain was identified by molecular tools for the first time in 2006. Aim of the present paper is to report the first identification of G4 strain in Continental Italy. Liver and lungs from 7,500 horses, slaughtered in the province of Reggio Emilia (Emilia-Romagna Region, Northern Italy) during the period from March 2006 to February 2007, were examined for CE. DNA was extracted from germinal layer and protoscoleces of a fertile cyst and PCR reactions were performed in order to strain typing DNA isolates as described by Bowles and McManus for NADH and COI mitochondrial genes. PCR products were then purified and sequenced in forward and reverse. Liver cysts were found in two horses. A horse harboured one calcified cyst and no molecular examination was performed; the other presented two fertile cysts and hydatid material obtained from one cyst (10 cm) was identified as G4 strain of *E. granulosus* for ND1 and CO1 partial genes. The animal, a 10-year-old female, came from the province of Grosseto (Tuscany Region, Central Italy) and was permanently maintained on pasture together with sheep, cattle and other horses. This is the first molecular identification of the *E. granulosus* horse strain or G4 in Continental Italy.

P8. PREDITTORI IN UN MODELLO MULTIVARIATO PER ALTI LIVELLI DI BETA-ESACLOROCICLOESANO (BETA-HCH) NEL LATTE INDIVIDUALE DI BOVINE DA ALLEVAMENTI CONTAMINATI DELLA VALLE DEL SACCO, LAZIO

Antonio Battisti (a), Marcello Sala (a), Pasquale Rombolà (a), Alessandro Ubaldi (a), Cristina Roffi Isabelli (b), Aldo Volpe (b), Osvaldo Caverna (c), Francesco Marini (c), Maria Miceli (a)

(a) *Osservatorio Epidemiologico e Direzione Operativa Chimica, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Regioni Lazio e Toscana, Roma*

(b) *Servizio Veterinario ASL Roma G, Roma*

(c) *Distretti A e B Servizio Veterinario ASL, Frosinone*

Nel corso del 2006, è stato condotto uno studio trasversale in bovine provenienti da allevamenti risultati contaminati e con valori non conformi ($>3 \mu\text{g}/\text{kg}$) di Beta esaclorocicloesano (Beta-HCH) nella Valle del Sacco, tra le province di Roma e Frosinone, Lazio. Uno studio di coorte condotto nelle fasi dell'emergenza della crisi del 2005, aveva dimostrato che il fattore di rischio fondamentale per la contaminazione del latte di massa degli allevamenti nell'area di studio era stato la somministrazione di foraggi e mangimi semplici coltivati in terreni agricoli soggetti a esondazione o irrigati con acque del fiume. La sorgente di contaminazione delle acque si era dimostrata l'area industriale del Comune di Colferro, con produzione di Lindano per decenni a partire dal dopoguerra. Arruolate nello studio trasversale 117 bovine in lattazione, da 7 allevamenti con livelli di Beta-HCH non conformi e prolungati nel tempo (min. 6 mesi) nel latte di massa. Fasi: definizione dei livelli di contaminazione del latte per i singoli capi, attraverso prelievi individuali e loro misurazione; distribuzione e frequenza dei valori ottenuti; descrizione statistica del campione esaminato in termini di età, n. lattazioni, momento fisiologico di lattazione, provenienza e dimensione aziendale; valutazione dell'associazione di variabili indipendenti alla variabile di *outcome* con analisi ed elaborazione dei risultati ottenuti in un modello multivariato.

- Il numero delle lattazioni non risulta associato ai livelli di contaminante osservato negli animali, con indiretta dimostrazione che l'esposizione è stata continuativa nel tempo e che l'inizio dell'esposizione degli animali era almeno antecedente alla produzione dei foraggi del 2004. Tale osservazione concorda con quanto dimostrato circa la natura e la storicità della contaminazione ambientale.
- È stata rilevata associazione significativa tra altre due variabili di esposizione ("dimensione aziendale >25 " animali e "stabulazione fissa" e "stabulazione e mista") e variabile di *outcome* "livelli elevati" ($>3 \mu\text{g}/\text{kg}$) di Beta-HCH nel latte individuale. Tale osservazione potrebbe essere dovuta prevalentemente a un effetto "azienda" (effetto della conduzione aziendale).
- Durante le fasi di lattazione (in 305 giorni categorizzata in tre fasi: *early*, *mid* e *late*) i livelli di contaminante nel latte individuale subiscono significative variazioni. Infatti la fase centrale della lattazione è associata a più bassi livelli di contaminante rispetto

alla fase iniziale e finale. Ciò renderebbe conto delle osservazioni di fluttuazione nel tempo dei livelli di Beta-HCH riscontrati nel latte di massa delle aziende con livelli non conformi ($>3 \mu\text{g}/\text{kg}$) o *borderline* (tra 2 e 3 $\mu\text{g}/\text{kg}$).

**P9. PIANO DI MONITORAGGIO SANITARIO
DELLA FAUNA SELVATICA DELL'ARCO ALPINO
LOMBARDO E PRESENZA DI AGENTI ZONOSICI,
PER L'ANNO 2006 SU CARCASSE CONFERITE
ALLE SEZIONI DIAGNOSTICHE DELLE PROVINCE
DI BERGAMO, BRESCIA, COMO-VARESE
E SONDRIO-LECCO**

Irene Bertoletti (a), Alessandro Bianchi (a), Giovanni Loris Alberali (b), Maria Grazia Zandoni (b), Cristina Sacchi (c), Giovanni Sala (c), Franco Paterlini (d), Alessandra Gaffuri (d), Massimo Fabbi (e), Simone Magnino (f), Antonio Lavazza (g), Maria Lodovica Pacciarini (h), Silvia Tagliabue (i), Giorgio Zanardi (j)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Sezione Diagnostica di Sondrio-Lecco, Sondrio

(b) Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Sezione Diagnostica, Brescia

(c) Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Sezione Diagnostica di Como-Varese, Binago, Como

(d) Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Sezione Diagnostica, Bergamo

(e) Centro di Referenza Nazionale per la Tularemia, Centro di Referenza Nazionale per le Clamidiosi Animali, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Sezione Diagnostica, Pavia

(f) Centro di Referenza Nazionale Clamidiosi, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Sezione Diagnostica, Pavia

(g) Centro di Referenza Nazionale per le Malattie Virali dei Lagomorfi, Laboratorio Microscopia Elettronica, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Brescia

(h) Centro di Referenza Nazionale per la Tuberculosis, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Brescia

(i) Centro di Referenza Nazionale Leptospirosi, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Brescia

(j) Osservatorio Epidemiologico Veterinario Regionale Lombardia, Brescia

Il monitoraggio delle condizioni sanitarie della fauna selvatica è un momento fondamentale della gestione faunistica: numerosi sono, infatti, gli agenti patogeni che possono essere trasmessi dagli animali domestici ai selvatici e viceversa, tra questi anche alcuni responsabili di zoonosi. In particolare nei contesti alpini, dove è in uso la pratica del pascolo, animali domestici e selvatici vengono a trovarsi sugli stessi territori. Tali situazioni comportano problematiche di ordine sanitario che variano in relazione alle specie animali presenti e al contesto agro-zootecnico in cui esse interagiscono. In accordo con ASL, Amministrazioni Provinciali e Comitati di Gestione della Caccia IZSLER ha attivato per

l'anno 2006 un piano di monitoraggio finalizzato alla raccolta di dati sullo stato sanitario delle popolazioni a vita libera dell'intero arco alpino lombardo e alla verifica dell'eventuale presenza di patologie trasmissibili da animali selvatici a domestici, e viceversa, nonché di zoonosi. Si è proceduto inoltre alla raccolta di dati già esistenti nella prospettiva della creazione di una banca dati aggiornata. Sono stati effettuati complessivamente 17.165 esami diagnostici suddivisi nelle seguenti tipologie: 816 anatomopatologici, 874 istologici, 1.614 batteriologici, 1.411 esami di biologia molecolare, 1.152 parassitologici, 10.845 sierologici, 293 virologici, 146 chimici, 8 tipizzazioni gnomiche e 6 accertamenti di biochimica clinica. Tra i mammiferi sono stati sottoposti a esame ungulati (cinghiale, cervo, camoscio, capriolo e stambecco), carnivori (volpe, tasso e faina), lagomorfi (lepre comune, lepre alpina e coniglio selvatico) e sciuridi (scoiattolo rosso). Tra gli uccelli *Tetraonidae* (gallo forcello e pernice bianca), *Fasianidae* (coturnice, fagiano e quaglia), *Columbidae* (colombo terraiolo, tortora dal collare orientale e tortora), *Ardeidae* (airone cenerino e airone rosso), *Anatidae* (cigno reale, germano reale, alzavola, oca selvatica). Sono stati inoltre esaminati soggetti appartenenti all'ordine dei *Passeriformes* (passera italiana, merlo, allodola, ghiandaia). Nei Comprensori Alpini di caccia in cui era prevista l'esistenza di punti di controllo degli ungulati e/o della tipica fauna alpina sono stati predisposti, in accordo con i Comitati, prelievi di campioni numericamente rappresentativi delle popolazioni e delle specie animali. Analogo prelievo ha riguardato i capi di lepre o di altre specie ritenute

P10. INDAGINI SANITARIE SU CAMOSCI (RUPICAPRA RUPICAPRA) ABBATTUTI DURANTE LA STAGIONE VENATORIA 2006 IN PROVINCIA DI SONDRIO

Irene Bertoletti (a), Alessandro Bianchi (a), Elena Andreoli (b), Silvana Mattiello (b)
(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Bruno Ubertini, Sezione Diagnostica, Sondrio
(b) Dipartimento di Scienze Animali, Sezione di Zootecnica Veterinaria, Università degli Studi, Milano

Il monitoraggio sanitario degli ungulati selvatici è fondamentale per conoscere gli agenti patogeni presenti in un territorio, in particolare quelli che possono essere trasmessi dagli ungulati domestici a quelli selvatici, e viceversa, e quelli responsabili di zoonosi. Scopo di questo studio è indagare le condizioni sanitarie dei camosci selvatici in provincia di Sondrio (Alpi Centrali). Abbiamo effettuato l'esame autoptico di 58 camosci abbattuti durante la stagione venatoria 2006 nella provincia di Sondrio raccogliendo: sangue, feci, secreto oculo-congiuntivale e parti di tessuto da polmoni, diaframma e intestino. È stato possibile analizzare 36 sieri ottenendo:

- 100% di reazioni negative per *Leptospira* spp., nonostante la presenza dell'infezione in alcune popolazioni di cervo della provincia;
- 100% di reazioni negative per il Virus Respiratorio Sinciziale Bovino (VRSB);
- 100% di reazioni negative per la Diarrea Virale Bovina (BVD);
- 100% di reazioni negative per IBR e Parainfluenza virus tipo 3, nonostante la presenza di queste patologie negli allevamenti bovini della provincia di Sondrio;
- 18 reazioni positive al test SAR (su 32 campioni) per *Brucella abortus/melitensis*; non è stato possibile confermare questi risultati con la Fissazione del Complemento, a causa della scarsa qualità del siero.

Ventuno campioni di feci sono stati analizzate mediante flottazione: in un campione non è stata rilevata presenza di uova di parassiti; nei restanti 20 è stato possibile identificare i seguenti generi parassitari gastrointestinali: *Ostertagia* (17/20), *Cooperia* (5/20), *Moniezia* (3/20), *Haemonchus* (1/20), *Nematodirus* (3/20) e *Eimeria* (16/20). Due tamponi oculo-congiuntivali su 24 sono risultati positivi per la ricerca di *Mycoplasma conjunctivae*, confermando la presenza di un'epidemia di cheratocongiuntivite in una zona di confine con la Svizzera. Tredici campioni di tessuto diaframmatico analizzati per la ricerca di *Trichinella* spp. hanno dato esito negativo, confermando l'assenza del parassita nell'area di studio. Trentadue campioni di tessuto polmonare sono stati sottoposti all'esame immunostochimico (IHC) per la ricerca del VRSB e 7 animali sono risultati positivi. Nessuna relazione è stata trovata tra IHC e gli esami sierologici: questo potrebbe indicare una latenza del virus negli ospiti. Sette campioni di intestino sono stati testati tramite PCR per la *Mycobacterium paratuberculosis*, dando esiti negativi, sebbene la patologia sia presente negli animali domestici all'interno dell'area di studio. Le condizioni sanitarie della popolazione in esame risultano buone: questo suggerisce che le popolazioni di camoscio in Provincia di Sondrio siano in equilibrio con l'ambiente, anche se la presenza di alcune patologie rende necessari ulteriori approfondimenti e controlli.

CARATTERIZZAZIONE DEI CEPPI DI *BORRELIA LUSITANIAE* MEDIANTE ANALISI DI 5S-23S INTERGENIC REGION, OSPA E FLAGELLIN GENE

Luigi Bertolotti, Clara Tramuta, Elena Grego, Patrizia Nebbia, Alessandro Mannelli
*Dipartimento di Produzioni Animali, Epidemiologia ed Ecologia, Università degli Studi,
Torino*

L'interesse verso *Borrelia lusitaniae* e la sua distribuzione a livello geografico è in continuo aumento, soprattutto alla luce di recenti studi condotti in Portogallo, dove è stata isolata per la prima volta da un paziente umano. Inoltre, sulla base di indagini condotte nei Paesi affacciati sul bacino del Mediterraneo, *B. lusitaniae* può essere considerata una genospecie tipica di questi habitat. Tuttavia, poco è ancora noto a livello di epidemiologia molecolare, specialmente per ciò che riguarda le possibili differenze tra le popolazioni di *B. lusitaniae*. In questo studio, condotto in Toscana, sono state comparate le informazioni filogenetiche contenute in tre diversi geni targ *et al* l'interno del genoma di *B. lusitaniae*, per caratterizzare i ceppi circolanti nell'area e per valutare le differenze filogenetiche all'interno della genospecie. In totale 50 adulti di *Ixodes ricinus* sono stati raccolti mediante *flagging*; gli intestini e le ghiandole salivari sono stati trasferiti in terreno selettivo BSK-H e incubati per 3 mesi a 33°C. Successivamente aliquote di colture sono state caratterizzate mediante estrazione di DNA e amplificazione dei geni *target* 5s-23s *intergenic region*, *Outer surface protein A* (OspA) e *flagellin gene* (Fla). Per l'amplificazione di 5s-23s (226 bp) e OspA (822 bp) sono stati utilizzati *primers* presenti in bibliografia, mentre è stato sviluppato un nuovo protocollo per l'amplificazione della sequenza completa del gene Fla (~1K bp). Successivamente è stato eseguito il sequenziamento diretto degli amplificati mediante elettroforesi capillare. Le sequenze sono state analizzate e utilizzate per la costruzione di alberi di filogenesi, comparandole con quelle depositate in *Genbank*. L'isolamento ha permesso di evidenziare *Borrelia burgdorferi s.l.* in 29 campioni, confermando la prevalenza d'infezione riportata nei precedenti lavori. Le sequenze dei tre geni target sono state ottenute da tutti i campioni. I risultati confermano che la variabilità all'interno della regione intergene 5s-23s non è sufficiente per caratterizzare le diverse popolazioni di *Borrelia lusitaniae* presenti nel bacino Mediterraneo, mentre le sequenze sia di OspA che di Fla sembrerebbero confermare l'esistenza di due popolazioni distinte, a nord e a sud del Mediterraneo. Inoltre i campioni in esame presentano un'alta similarità con le sequenze ottenute in Portogallo dal paziente umano: questo risultato, insieme all'alta prevalenza di infezione riscontrata nelle zecche in cerca di ospite, pone l'attenzione sul rischio per la sanità pubblica nell'area toscana.

DISTRIBUZIONE DELLE ZECCHIE IXODIDAE NEL PARCO DELL'APPENNINO TOSCO-EMILIANO IN RELAZIONE ALL'HABITAT E ALLA FREQUENTAZIONE DI UNGULATI

Donal Bisanzio (a), Bruna Ambrosini (a), Charlotte Ragagli (b), Laura Tomassone (a),
Giuseppina Amore (a), Elisa Martello (a), Alessandro Mannelli (a)

(a) Dipartimento di Produzioni Animali Epidemiologia Ecologia, Università degli Studi,
Torino

(b) Ufficio Territoriale per la Biodiversità, Corpo Forestale dello Stato, Lucca

Nel versante meridionale del Parco nazionale dell'Appennino Tosco-Emiliano, esposizione e *habitat* differenti creano un ambiente ottimale per la sopravvivenza di diverse specie di zecche della famiglia *Ixodidae*. Uno studio effettuato nella prima metà degli anni novanta evidenziava una bassa abbondanza di *Haemaphysalis punctata*, *Dermacentor marginatus* e *Ixodes ricinus* nell'area. Zecche infestanti piccoli roditori (*Apodemus* spp., *Clethrionomys glareolus*), catturati nel parco nel 1994-95, sono risultate positive a *Rickettsia slovaca*, l'agente eziologico della sindrome tibola/debonel. Nell'agosto 2006 e nel marzo 2007 sono state effettuate sessioni di *dragging* che hanno evidenziato un aumento del numero di zecche sul territorio, l'innalzamento altitudinale di *I. ricinus* a 1.400 m e la presenza di una specie prima non rilevata: *Haemaphysalis sulcata*. Nell'autunno e nell'inverno 2006, attraverso avvistamenti, sono state individuate le zone a maggior frequentazione da parte degli ungulati. I dati ottenuti dal *dragging* e dal monitoraggio degli ungulati sono stati analizzati con il software *opensource* GIS GRASS. I risultati ottenuti hanno mostrato un'abbondanza di *H. punctata* e *H. sulcata* negli ambienti con substrato calcareo, esposti a sud-est, zone di svernamento dei mufloni (*Ovis musimon*). In aree ecotonali, frequentate da cinghiali (*Sus scrofa*), è presente *D. marginatus*. Nelle faggete, che occupano una buona area del territorio al di sopra dei 1.000 m, frequentate da cervidi, è stato trovato *I. ricinus*. Il tipo di ambiente e di ospiti sembra quindi delimitare le aree di presenza delle diverse specie di zecche. L'innalzamento del limite altitudinale di *I. ricinus*, riscontrato anche nelle aree alpine, e la colonizzazione da parte di questa specie della faggeta, sono forse dovute all'aumento delle temperature avvenuto nell'ultimo decennio. *I. ricinus* è un importante vettore di zoonosi in Italia e l'ampliamento della sua area di diffusione può costituire un rischio per la salute pubblica.

P11. VARIAZIONI STAGIONALI E ANNUALI NELL'UTILITÀ DI *NORMALIZED DIFFERENCE VEGETATION INDEX* PER LA PREDIZIONE DEL RISCHIO DI ZONOSI TRASMESSE DA *IXODES RICINUS*

Donal Bisanzio (a), Giuseppina Amore (a), Charlotte Ragagli (b), Luigi Bertolotti (a),
Laura Tomassone (a), Alessandro Mannelli (a)

(a) *Dipartimento di Produzioni Animali Epidemiologia Ecologia, Università degli Studi,
Torino*

(b) *Ufficio Territoriale per la Biodiversità, Corpo Forestale dello Stato, Lucca*

La zecca *Ixodes ricinus* trasmette agenti di zoonosi in un'ampia area geografica che comprende Europa e Africa settentrionale. Fattori climatici, geomorfologici, e vegetazione determinano condizioni microclimatiche che influenzano direttamente lo sviluppo e l'attività di *I. ricinus*. Nell'area mediterranea, che rappresenta la parte meridionale del *range* di *I. ricinus*, la carenza di umidità è il principale fattore limitante la distribuzione di questo vettore e quindi delle zoonosi da esso trasmesse. La classificazione del territorio per mezzo di *remote sensing* satellitare è stata utilizzata per identificare aree geografiche favorevoli alle zecche. Il *normalized difference vegetation index* (NDVI) è un indicatore di umidità ambientale e quindi di ambiente favorevole a *I. ricinus*. In questo studio, abbiamo valutato l'utilità di NDVI per la predizione di *I. ricinus* in un'area collinare della Toscana, in cui *Borrelia burgdorferi sensu lato* è endemica ed ha provocato casi umani di borreliosi di Lyme. Nella stessa area, la genospecie *B. lusitaniae* è stata identificata nelle zecche e nelle lucertole probabili serbatoi vertebrati. Zecche in cerca di ospite sono state raccolte con tecnica *dragging* in 25 siti, mensilmente dal novembre 2004 all'ottobre 2006. I conteggi di *I. ricinus* sono stati sottoposti ad analisi esplorativa con la funzione lattice nel software R, dopo la conversione della base di dati a un oggetto *grouped Data* per tener conto delle osservazioni ripetute sugli stessi siti. Le medie mensili del numero di zecche per 100 m *dragging* e intervalli di confidenza validi sono stati ottenuti con modelli lineari generalizzati per conteggi. La distribuzione binomiale negativa dell'errore è stata utilizzata per tener conto della distribuzione aggregata delle zecche. Per ottenere stime dell'effetto aggiustato di NDVI e mese di raccolta delle ninfe (lo stadio più importante per la trasmissione delle infezioni all'uomo) e per la predizione del rischio spazio-temporale di zoonosi, è stata usata il pacchetto *generalized estimating equation* (GEE) utilizzando la procedura GENMOD in SAS[®]. L'interazione negativa fra NDVI e una funzione sinusoidale (SIN) con picco nel mese di aprile (massima attività delle ninfe di *I. ricinus*) suggerisce che, nel periodo primaverile del 2005, le ninfe fossero presenti in maniera piuttosto uniforme nell'area di studio. Al contrario, in estate e autunno 2005, l'attività delle ninfe era limitata alle aree più umide e quindi con elevato NDVI. Nel 2006, tale interazione non era invece significativa. I nostri risultati indicano che l'utilità di NDVI come predittore del rischio di zoonosi possa variare con la stagione e fra anni diversi, anche in relazione all'andamento meteorologico della piovosità e quindi dell'umidità ambientale.

ISOLAMENTO DI *ESCHERICHIA COLI* VEROCITOTOSSICI O157 E O26 DAL CONTENUTO INTESTINALE, TONSILLE E LINFONODI MESERAICI DI BOVINI MACELLATI

Silvia Bonardi (a), Emanuela Foni (b), Chiara Chiapponi (b), Stefano Morabito (c), Cristina Bacci (a), Arianna Paris (a), Elisa Ribaldi (a), Federica Salmi (a), Franco Brindani (a)

(a) Sezione di Ispezione degli Alimenti di Origine Animale, Dipartimento di Salute Animale, Università degli Studi, Parma

(b) Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Sezione di Parma, Parma

(c) Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore di Sanità, Roma

Il bovino è considerato il più importante serbatoio animale di *Escherichia coli* produttori di verocitotossine (VTEC) e pertanto, nell'ottica di approfondire il ruolo svolto da questa specie nell'epidemiologia delle infezioni umane, si è impostato un piano di campionamento presso tre macelli dell'Emilia-Romagna. Nel biennio ottobre 2003-ottobre 2005 sono stati prelevati campioni di materiale cecale, tonsille e linfonodi meseraici di 182 bovini (119 vacche da latte e 63 vitelloni) provenienti da 165 allevamenti di diverse Regioni italiane. Il lavoro è stato suddiviso in due parti: nella prima sono stati considerati 93 soggetti, di cui si sono raccolti il materiale cecale e le tonsille; nella seconda, da 89 animali sono stati prelevati il contenuto del ceco e i linfonodi meseraici. I campioni sono stati sottoposti all'immunoseparazione magnetica per i sierogruppi O157, O26, O103, O111, O145. Per i sierogruppi O157 e O26 sono stati impiegati, rispettivamente, i terreni selettivo-differenziali CT-SMAC e CT-RMAC, oltre a *Chromocult Coliform Agar*, mentre per l'isolamento degli altri sierogruppi sono stati utilizzati *Enterohaemolysin Agar* e *Chromocult Coliform Agar*. Dopo conferma sierologica, gli stipiti isolati sono stati saggiati su monostrati di cellule Vero e testati mediante *multiplex* PCR per la presenza delle sequenze geniche *vtx1*, *vtx2*, *eaeA*, *E-hlyA*. La prevalenza di bovini portatori intestinali di stipiti VTEC si è attestata sul 4,9% (9 soggetti su 182): VTEC O157 (due ceppi *vtx1+*, *vtx2+*, *eae+*, *E-hlyA+*, quattro ceppi *vtx2+*, *eae+*, *E-hlyA+*) è stato isolato dal 3,3% (6/182) dei bovini macellati, mentre VTEC O26 *vtx1+*, *eae+*, *E-hlyA+* dallo 0,5% dei soggetti (1/182). Nessun VTEC O103, O111, O145 è stato isolato dal contenuto intestinale dei bovini, ma si è identificato uno stipite O91:H- *vtx2+*, *eae-*, *E-hlyA+*, in un primo tempo considerato appartenente al sierogruppo O103 in base alla sieroaagglutinazione rapida, e un ceppo di *E. coli vtx1+*, *eae+*, *E-hlyA+* non identificato sierologicamente. Da tonsille e linfonodi si sono isolati unicamente stipiti di *E. coli* O157 (*vtx2+*, *eae+*, *E-hlyA+*). La contaminazione ha riguardato l'1,1% delle tonsille (1/92) e l'1,1% dei linfonodi meseraici (1/89). La presenza di VTEC O157 nel tessuto linfatico, rilevata solo nei mesi estivi, si è osservata in due bovini che albergavano il microrganismo anche nel tratto intestinale. Oltre ai dati di rilevanza epidemiologica, la presente indagine ha fatto ipotizzare una via alternativa a quella fecale per la contaminazione delle carni. Infatti, la presenza accidentale di

frammenti di tessuto linfatico potrebbe veicolare stipiti di *E. coli* produttori di verocitotossine ai prodotti carnei. Inoltre, essendo dimostrate reazioni crociate tra *E. coli* O157 e *Brucella abortus*, potrebbero verificarsi interferenze con i piani di controllo della brucellosi bovina.

P12. TIPIZZAZIONE MOLECOLARE DI CEPPI DI *M. BOVIS* ISOLATI IN ITALIA: INDAGINI EPIDEMIOLOGICHE DI QUATTRO *CLUSTER* GENETICI

Beatrice Boniotti, Giorgio Zanardi, Maria Grazia Zanoni, Silvia Tagliabue, Vittorio Bonazza, Dominga Avisani, Alessandra Gaffuri, Maria Lodovica Pacciarini
Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Brescia

La tipizzazione molecolare di *M. bovis* è ormai considerata uno strumento integrativo necessario nello studio dell'epidemiologia della Tuberculosis Bovina (TB), consentendo ai ricercatori di raggiungere una miglior conoscenza delle dinamiche di trasmissione dell'infezione. Questa considerazione implica la necessità di organizzare un *data base* contenente i profili genetici, ottenuti con l'utilizzo di tecniche di tipizzazione rapide, affidabili e riproducibili, del maggior numero possibile di isolati di *M. bovis* provenienti da focolai verificatisi sul nostro territorio negli ultimi anni. In Italia la tipizzazione di ceppi di *M. bovis* isolati in allevamenti focolaio è stata eseguita di routine a partire dal 2000 su più di 1.200 campioni, utilizzando la tecnica spoligotyping e l'analisi ETRA-E. Inoltre, recentemente l'analisi di 100 ceppi di *M. bovis* BCG-like, (caratterizzati dallo spoligotipo maggiormente diffuso in Italia), con 19 *markers* VNTR/MIRU descritti da Supply nel 2000, LeFleche nel 2002, Roring nel 2002 e da Skuce nel 2002, ha consentito la selezione di un nuovo pannello di 8 marcatori maggiormente informativi per la differenziazione genetica. In questo lavoro, vengono descritti quattro esempi tra i più interessanti, in cui la combinazione di dati epidemiologici derivati da indagini convenzionali e l'informazione molecolare ci ha permesso di rintracciare la fonte e di formulare un'ipotesi di trasmissione della TB occorsa in alcuni focolai. In particolare, alcune ipotesi suggerite dall'indagine epidemiologica tradizionale sono state suffragate dalla tipizzazione molecolare del ceppo isolato. Ad esempio, la trasmissione della TB attraverso pascoli comuni, la movimentazione e il commercio di animali, la contiguità con allevamenti focolaio, la persistenza dello stesso ceppo di *M. bovis* in un allevamento già sede di focolaio, il mantenimento della TB da parte di capre in un allevamento focolaio sottoposto a *stamping out*. Nel lavoro saranno presentati e commentati fenomeni di *clustering* di alcuni genotipi evidenziati in precise aree geografiche.

P13. STUDIO DELLA PARATUBERCOLOSI IN AMBIENTE ALPINO: INDAGINI NELLE PROVINCE DI TRENTO E BOLZANO

Marco Bregoli (a), Karin Trevisiol (b), Luca Pedrotti (c), Mariapia Cova (d), Marzia Mancin (e), Marta Vascellari (f), Franco Mutinelli (f), Dorotea Lombardo (b), Claudio Pasolli (g)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie SCT4, Udine

(b) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie SCT6, Bolzano

(c) Parco Nazionale dello Stelvio, Trento

(d) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie SCT5, Trento

(e) Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

(f) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

(g) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie SC9, Legnaro, Padova

La paratubercolosi è una malattia enterica dei ruminanti domestici e selvatici, che interessa anche specie non ruminanti, caratterizzata da elevata resistenza nell'ambiente dell'agente eziologico *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP). Nelle province di Trento e Bolzano la malattia viene studiata nelle specie selvatiche dal 1997 in seguito ai primi casi riscontrati nel cervo (*Cervus elaphus*) in Italia nei primi anni '90. Durante il periodo 2005-2006 sono state prese in considerazione aree di campionamento con differenti situazioni ecologiche; in particolare sono state studiate le aree del Parco Nazionale dello Stelvio e le riserve di caccia limitrofe, con densità di popolazione di cervo di 6/7 capi/100ha nell'area di distribuzione e punte all'interno del Parco di 30/100ha confrontate con aree a densità non superiori a 3 capi/100ha. Sono stati analizzati gli organi di 163 cervi, 128 caprioli (*Capreolus capreolus*), 44 camosci (*Rupicapra rupicapra*), 4 mufloni (*Ovis musimon*) e 9 stambecchi (*Capra ibex*). Sono inoltre stati esaminati gli organi di 102 bovini e 30 ovicaprini e 6443 sieri bovini. Sono stati confrontati diversi metodi di indagine: anatomopatologico, istopatologico-immunoistochimico, isolamento culturale (Herrold's), e sierologico (ELISA). I risultati evidenziano una elevata diffusione ambientale di MAP nelle aree ad alta densità di cervi (prevalenza all'esame colturale del 50% nel cervo, 23% nel capriolo, 37% nel bovino) con forme cliniche-anatomopatologiche presenti quasi esclusivamente nel cervo e assenti invece nei ruminanti domestici nei quali la prevalenza sierologica non supera l'1%. La prevalenza all'esame colturale, le forme patologiche gravi e la prevalenza all'esame immunoistochimico si riducono dove le densità del cervo sono inferiori. Nell'area di studio la persistenza nel tempo dell'infezione e della malattia appaiono quindi essere indipendenti dalla presenza di ruminanti domestici al pascolo. I risultati suggeriscono che nel cervo, analogamente a quanto già riscontrato nei ruminanti domestici, il livello di eliminazione del micobatterio nell'ambiente dipenda dalla presenza di soggetti con forma clinica e supereliminatori. Nella maggior parte dei cervi batteriologicamente positivi all'esame colturale per MAP l'infezione decorre in modo lieve, inapparente o transitorio, mentre solamente i cosiddetti "supershedder" manifesterebbero la malattia clinica, favorendo il mantenimento dell'infezione nel territorio. L'individuazione

dei cervi supereliminanti, anche attraverso l'utilizzo di metodi diagnostici rapidi, potrebbe quindi fornire uno strumento utile al controllo delle sottopopolazioni di cervo attraverso indicazioni sanitarie usufruibili dal punto di vista gestionale nell'ambito di prelievi di selezione e relativamente alla distribuzione dei cervi nel territorio.

P14. INFEZIONE DA GIARDIA IN CANI E GATTI E VALIDAZIONE DI UN TEST ELISA RAPIDO

Emanuele Brianti, Maria Ferlazzo, Gabriella Gaglio, Anna Lia Risitano, Salvatore Giannetto

Dipartimento di Sanità Pubblica Veterinaria, Università degli Studi, Messina

Giardia duodenalis è un protozoo flagellato cosmopolita che infetta il piccolo intestino di molti mammiferi compreso l'uomo. Sebbene la presenza di *Giardia* nell'intestino degli animali d'affezione è spesso asintomatica, esistono molte implicazioni di carattere zoonotico e la possibilità che gli stessi possano rappresentare una fonte di infezione per l'uomo. In Italia, recenti indagini epidemiologiche, condotte principalmente nelle Regioni centro-settentrionali, riportano frequenze d'infezione variabili tra il 19-74% nel cane e del 4% nel gatto. Il nostro studio ha avuto lo scopo di indagare la frequenza d'infezione da *Giardia* in un campione di cani e gatti di proprietà e, di valutare contemporaneamente le performance diagnostiche di un test ELISA commerciale, utilizzando la diagnosi coprologica per flottazione/centrifugazione in soluzione di solfato di zinco ($ZnSO_4$) come test di riferimento. Il campione animale, composto da 100 cani (55 femmine, 45 maschi, età mediana 3,3 anni) e 54 gatti (26 femmine, 28 maschi, età mediana 1,5 anni), è stato indagato per *Giardia* mediante la metodica coprologica diretta di flottazione/centrifugazione in soluzione di $ZnSO_4$ eseguita su tre campioni fecali raccolti con 1-2 giorni di intervallo. Inoltre, le feci di un sub campione di 60 cani e 40 gatti sono state esaminate anche mediante il test ELISA commerciale *Idexx Snap® Giardia*. In generale, la presenza di cisti di *Giardia* è stata diagnosticata nei campioni fecali di 25/100 (25%) cani e 13/54 (24,1%) gatti. Il 61,5% dei gatti e il 40% dei cani positivi aveva un'età inferiore a un anno. La maggior parte degli animali eliminatori di cisti era asintomatica (57,9%). Tra i possibili fattori di rischio analizzati, la convivenza con altri animali della stessa specie è risultata un fattore di rischio positivo all'infezione nella specie felina (OR=2,04). Il test ELISA valutato è stato incapace di svelare l'infezione in 1/11 gatti e 6/21 cani positivi alla metodica coprologica raggiungendo valori di sensibilità del 90,9% e 71,4% rispettivamente per la specie felina e canina. La specificità calcolata per il test ELISA è stata del 100% per entrambe le specie. I risultati da noi riportati descrivono un'ampia circolazione dell'infezione da *Giardia* nella popolazione animale indagata e, successive indagini di tipo biomolecolare potranno meglio chiarire i relativi aspetti zoonotici. La valutazione del test ELISA ha prodotto, soprattutto nella specie canina, bassi valori di sensibilità. Tuttavia, tale metodica, grazie alla sua praticità d'uso e facilità nella lettura dei risultati, può rappresentare un valido strumento diagnostico nella pratica clinica-ambulatoriale per la diagnosi d'infezione nel cane e nel gatto.

INDAGINE SULLA RILEVANZA SANITARIA DELLE ZONOSI NEL TRIVENETO

Katia Capello (a), Arianna Comin (a), Antonia Ricci (a), Marta Vescovi (a), Marianna Merenda (a), Tolinda Gallo (b), Pirus Fateh-Moghadam (c), Ugo Fedeli (d), Giulia Morsetti (e), Stefano Marangon (a), Luca Busani (a,f)

(a) Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

(b) Dipartimento di Prevenzione dell'ASS4 Medio Friuli, Udine

(c) Osservatorio Epidemiologico dell'APSS di Trento, Trento

(d) Sistema Epidemiologico Regionale del Veneto, Castelfranco Veneto

(e) Ufficio Provinciale Igiene e Salute Pubblica P.A., Bolzano

(f) Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore di Sanità, Roma

Oltre il 75% delle malattie emergenti nell'uomo sono causate da agenti patogeni trasmessi dagli animali o dagli alimenti di origine animale (zoonosi). La rilevanza di tali malattie è però di difficile valutazione a causa di carenze di informazioni e di scarso coordinamento tra settore medico e settore veterinario. Al fine di definire in modo oggettivo gli aspetti sanitari legati alle zoonosi, l'Istituto Zooprofilattico delle Venezie (IZSVE), in collaborazione con i Servizi Epidemiologici del Triveneto, ha organizzato uno studio sulla presenza e diffusione di agenti zoonosici nell'uomo, negli animali e negli alimenti di origine animale. Parte integrante dello studio è stata un'indagine per definire le zoonosi prioritarie nel Triveneto. L'indagine è stata condotta attraverso la somministrazione di un questionario a operatori di salute umana e sanità animale del Triveneto. Sono stati coinvolti i Dipartimenti di Malattie Infettive di tutti gli ospedali e le università del Triveneto, medici e veterinari dei dipartimenti di prevenzione di un campione delle Asl, e i veterinari dei laboratori dell'IZSVE. Complessivamente sono stati raccolti 106 questionari (tasso di risposta 88%): 45 da operatori di salute umana (71% Asl, 24% Ospedale e 4% Università); 61 da operatori di sanità animale (79% Asl, 18% IZSVE e 2% Università). Il 44% dei questionari proveniva dal Trentino Alto Adige, il 31% dal Veneto e il rimanente 25% dal Friuli Venezia Giulia. La diffusione della malattia nella popolazione animale e l'impatto economico sono risultati i fattori più rilevanti nel definire l'importanza di una zoonosi per gli operatori in sanità animale; la diffusione, la gravità della malattia nell'uomo e la disponibilità di strumenti di controllo sono stati quelli indicati dagli operatori in salute umana. Gli operatori in salute umana e in sanità animale concordano nel definire come criteri fondamentali la gravità e la capacità di diffusione della malattia nell'uomo. Per quanto riguarda le zoonosi considerate prioritarie nel Triveneto, il 53% degli operatori in salute umana e il 37% degli operatori in sanità animale ha indicato la salmonellosi al primo posto della graduatoria delle malattie più rilevanti dal punto di vista sanitario. Si è inoltre evidenziato una maggiore sensibilità degli operatori di sanità animale verso le zoonosi a trasmissione alimentare quali listeriosi e tubercolosi da *M. bovis* (2° e 3° in graduatoria), mentre gli operatori in salute umana hanno indicato malattie trasmesse da vettori, quali la borreliosi e l'encefalite da zecche (2° e 3° in graduatoria). Lo studio ha evidenziato l'interesse notevole di medici e veterinari del Triveneto per le zoonosi ed ha fornito indicazioni utili su quali siano gli ambiti comuni di interesse da sviluppare con interventi coordinati.

P15. PARASSITOSI INTESTINALE NEI CANI OSPITATI NEL PUBBLICO CANILE DI ROMA

Ilaria Capocci (a) Laura Maragliano (b) Livia Malandrucchio (a) Giuseppe Cariola (a) Alberto Valentini (a) Claudio Fantini (b)

(a) ASL RM/D Ospedale Veterinario, Roma

(b) ASL RM/D Area Dipartimentale di Sanità Pubblica Veterinaria, Roma

Le parassitosi intestinali dei cani rivestono un ruolo importante, sia sanitario che economico, nel management dei canili. Presso il canile pubblico di Roma, il cui bacino di utenza è rappresentato dalla popolazione della città di Roma (2.540.000 abitanti, ISTAT 2002) con una popolazione canina stimata di 250.000 soggetti (Regione Lazio, 2003), è stato condotto negli anni 2005 e 2006 uno studio con l'obiettivo di valutare la prevalenza delle parassitosi intestinali, la tipologia delle specie parassitarie riscontrate, l'eventuale rischio biologico per il personale del canile e la valutazione predittiva dell'effettuazione degli esami parassitologici sulla base di segnalazioni rispetto al campionamento periodico. I campioni di feci, 1.214 raccolti su segnalazione nell'anno 2005 e 335 campionati su ogni box del canile nell'anno 2006, sono stati analizzati mediante esame microscopico a fresco previo arricchimento con soluzione satura di NaCl. Il *data entry* è stato effettuato su foglio Excell 5.0 mentre l'elaborazione dei dati è stata effettuata mediante EPIINFO vers. 3.3. Le specie e le prevalenze totali riscontrate sui 1.549 campioni sono Ancilostomatidi, (15,6%), Coccidi (6,9%), Trichiuridi (6,1%) e Ascaridi (5,4%) con una prevalenza di positività ad almeno una specie parassitaria pari al 29%. La maggior parte dei campioni presenta una sola specie elmintica, mentre in una bassa percentuale (17% dei positivi) risultano essere presenti più specie di elminti intestinali; l'associazione più frequente risulta essere quella tra Ancilostomatidi e Trichiuridi (46%). Prendendo in esame l'aspetto fisico delle feci, è risultato che la tendenza verso un aspetto diarroico non è in relazione con la presenza di parassiti a eccezione delle parassitosi da trichiuridi dove esiste l'associazione (O.R: 3.11 IC 1.59-6.30 *p-value* 0.001). Un altro risultato significativo è l'associazione tra il caso analizzato su segnalazione e l'effettiva presenza di parassiti (OR 0.66 IC 0.51-0.86 *p-value* 0.0019), che evidenzia lo scarso significato predittivo dei casi segnalati da personale ausiliario sull'effettiva positività alle parassitosi intestinali dei cani. Conclusioni. Nonostante i trattamenti preventivi antielmintici somministrati, circa un terzo degli animali ospitati continua a essere infestato da parassiti intestinali in particolare geelminti. Le cause sono da ricondurre a problemi di tipo strutturale e gestionale (assenza di settore quarantenario, presenza dei parchetti in terra, sovraffollamento e continuo spostamento degli animali all'interno della struttura). Oltre alla corretta applicazione delle misure profilattiche (quarantena, controllo spostamenti etc.) sarebbe utile, visto lo scarso valore predittivo, sostituire l'attuale sistema di controllo su segnalazione con campionamenti e trattamenti periodici.

BABESIOSI DEI RUMINANTI DOMESTICI E SELVATICI IN ITALIA NORD-ORIENTALE: RISCHIO ZONOSICO?

Rudi Cassini (a), Roberta Galuppi (b), Cristina Bonoli (b), Andrea Vanzetto (a), Fabrizio Cestaro (c), Antonio Frangipane di Regalbono (a)

(a) Dipartimento di Scienze Sperimentali Veterinarie, Università degli Studi, Padova

(b) Dipartimento di Sanità Pubblica Veterinaria e Patologia Animale, Università degli Studi, Bologna

(c) ULSS 20, Regione Veneto, Verona

Negli ultimi anni la babesiosi sta assumendo sempre maggiore importanza come infezione potenzialmente zoonosica. I casi umani segnalati in Europa si riferiscono per la maggior parte a *B. divergens*. In Italia è stato recentemente segnalato un caso il cui ceppo è stato denominato *Babesia* "European Union 1" (EU1). Nonostante non sia stata ancora chiarita precisamente l'eziologia e l'epidemiologia della babesiosi umana, è ipotizzabile che ruminanti domestici e selvatici giochino un ruolo importante nel mantenimento dell'infezione. Tra giugno 2005 e marzo 2006 sono stati raccolti campioni ematici da 116 bovini, 83 ovini, 24 caprini e 81 ruminanti selvatici di diverse specie (49 caprioli, 15 daini, 9 camosci, 5 cervi, 3 mufloni) dell'Italia nord-orientale. Su tutti i campioni (ad esclusione di 6 bovini) è stata condotta la PCR per la ricerca di piroplasmii. I campioni positivi sono stati sequenziati e testati verso le sequenze del gene 18S rRNA di *Babesia* spp. e *Theileria* spp. presenti nei *data base GenBank*, EMBL e DDBJ, utilizzando BLAST. I campioni bovini sono stati analizzati sierologicamente tramite test IFI commerciale per *B. bigemina* e *B. bovis*. Nessun ovi-caprino è risultato positivo, mentre un'alta percentuale di bovini (21/110) e di ruminanti selvatici (29/81) sono risultati positivi alla PCR. Al sequenziamento solo una parte dei positivi è risultata riconducibile a *Babesia* spp. e in particolare: nei bovini *B. microti* (1), *B. divergens* (1) e *B. microti-like* (15); nei selvatici *B. divergens-like* (21), *Babesia* EU1 (1) e *Babesia ovis* (2). Le positività dei rimanenti campioni sono risultate attribuibili al genere *Theileria*. Nei bovini sono state riscontrate siero-prevalenze del 53,4% (62/116) per *B. bovis* e del 10,3% (12/116) per *B. bigemina*, caratterizzate in entrambi i casi da titoli tendenzialmente bassi (1:40-1:320 per *B. bovis* e 1:80-1:320 per *B. bigemina*). I risultati della presente indagine evidenziano una circolazione notevole di *Babesia* spp. nelle popolazioni di bovini e di ruminanti selvatici. La definizione delle caratteristiche epidemiologiche e della potenzialità zoonosica dei ceppi riscontrati necessita di ulteriori studi, ma il ritrovamento di *Babesia* EU1 in un capriolo della provincia di Verona e quello di molti isolati riconducibili ai gruppi *B. microti-like* e *B. divergens-like*, entrambi possibili responsabili di zoonosi, suggeriscono che il rischio non debba essere sottovalutato. Il riscontro di positività sierologiche a bassi titoli verso specie di *Babesia* tipiche del bovino non esclude la presenza di altri ceppi, considerando la tendenza alla cross-reattività del test IFI.

P16. TUBERCOLOSI BOVINA NEL VENETO: ANDAMENTO DEL PIANO DI ERADICAZIONE E SORVEGLIANZA NELL'ULTIMO DECENNIO

Chiara Ceolin (a), Manuela Dalla Pozza (a), Laura Bortolotti (a), Lebara Bonfanti (a)
Maria Lodovica Pacciarini (b), Maria Grazia Zanoni (b), Michele Bricchese (c)

(a) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Brescia*

(c) *Servizio Sanità Animale, Igiene degli Allevamenti e delle Produzioni Zootecniche,
Regione Veneto, Venezia*

La tubercolosi bovina (TBC) è una zoonosi con riflessi socio-economici e di salute pubblica e impatto sul commercio internazionale di animali e prodotti alimentari derivati. In Italia e negli altri Stati Membri dell'UE sono in atto Piani di eradicazione basati sullo screening, mediante prove di intradermotubercolizzazione, dei bovini da riproduzione e sull'eliminazione degli animali risultati positivi al test. In Veneto, l'applicazione dei controlli e degli interventi previsti dal Piano nazionale di eradicazione (DM 15 dicembre 1995 n. 592) ha portato a un progressivo miglioramento della situazione epidemiologica, inoltre nell'ultimo decennio è stato attivato uno specifico piano di sorveglianza nei confronti di questa malattia con lo scopo di monitorare l'evoluzione della situazione epidemiologica, individuare i fattori di rischio legati alla sua persistenza e identificare misure di intervento finalizzate all'eradicazione dell'infezione. Il Piano prevede che, in caso di positività alla prova tubercolinica, venga effettuata un'attenta indagine epidemiologica per escludere la presenza di potenziali fattori di rischio di introduzione dell'infezione negli allevamenti positivi; inoltre sia gli animali positivi alla prova tubercolinica che quelli inviati alla macellazione ordinaria e in cui vengano rilevate lesioni alla visita ispettiva, vengano sottoposti a un accurato esame anatomico-patologico e ai relativi accertamenti microbiologici per l'identificazione del micobatterio in causa. Nel triennio 2004-2006, in seguito all'applicazione dei controlli e degli interventi previsti dal piano di eradicazione e sorveglianza nel Veneto, la percentuale di allevamenti controllati è stata del 100% e di quelli ufficialmente indenni ha raggiunto la soglia del 99,9%. Nel 2007 le province di Padova e Belluno, hanno acquisito la qualifica comunitaria di territori ufficialmente indenni (Decisione n. 174 del 20 marzo 2007). Dal 2004 a oggi sono stati registrati 13 focolai causati da *Mycobacterium bovis*, che hanno portato la prevalenza dell'infezione allo 0,1%. Scopo di questo lavoro è di descrivere i risultati dell'attività nell'ambito del piano di sorveglianza e delle attività diagnostiche per l'accertamento dell'infezione negli ultimi 10 anni.

P17. PROSPETTIVE PER LA SORVEGLIANZA DELLA ROGNA SARCOPTICA DEL CAMOSCIO NELL'AREA DOLOMITICA

Carlo V. Citterio (a), Marco Bregoli (a), Karin Trevisiol (a), Mariapia Cova (a), Gianmaria Sommovilla (b), Ruggero Giovannini (c), Giorgio Carmignola (d), Claudio Pasolli (a)

(a) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Amministrazione Provinciale di Belluno, Belluno*

(c) *Amministrazione Provinciale di Trento, Trento*

(d) *Amministrazione Provinciale di Bolzano, Bolzano*

La rogna sarcoptica è considerata la più grave patologia del camoscio alpino (*Rupicapra r. rupicapra*), nel quale può causare una mortalità fino all'80-90%, con notevole impatto sulla dinamica di popolazione. Il primo caso di rogna sarcoptica del camoscio in area dolomitica risale al 1995, ed era stato individuato nella zona nord della provincia di Belluno, a 14 km dal confine austriaco. Da allora, l'epidemia si è diffusa principalmente lungo l'asse nord-est/sud-ovest, interessando 18 metapopolazioni di camoscio delle province di Belluno, Bolzano e Trento, con un avanzamento prevalentemente "a macchia d'olio", ma, talvolta, con "salti" fino a 20 km. Il declino numerico del camoscio determinato dalla malattia non è risultato omogeneo nelle diverse metapopolazioni, variando in un intervallo compreso fra il 9 e l'88% su scala locale. Le ripercussioni della rogna sarcoptica sulla gestione e conservazione faunistica e sull'opinione pubblica, hanno indotto a una sorveglianza permanente di questa patologia e del suo fronte di avanzamento. In particolare, oltre all'osservazione diretta in campo dei soggetti colpiti, dal 2001 viene effettuata un'indagine sierologica mediante ELISA su estratti polmonari di camosci abbattuti durante la stagione venatoria o rinvenuti morti. Questa ricerca, che affianca i rilievi di campo e i dati demografici, ha tra le proprie finalità gestionali la previsione della progressione spaziale dell'epidemia, la stima del periodo intercorrente tra le prime sieroconversioni e la comparsa dei casi clinici, e infine la valutazione di correlazioni tra prevalenza sierologica rilevata dal test ELISA e il successivo impatto della malattia sulla popolazione. Tuttavia, gli ultimi due punti risultano ancora non del tutto chiariti, rendendo difficoltoso l'utilizzo dei dati sierologici per la gestione della specie nelle aree colpite o a rischio. Ai fini di un più efficace inquadramento epidemiologico, e di un utilizzo gestionale, i dati derivanti dalla sorveglianza sierologica tramite test ELISA da estratto polmonare andrebbero considerati tenendo conto delle differenze nei criteri di prelievo venatorio e di campionamento, in zona rogna e in zone limitrofe, attuati dai diversi enti di gestione faunistica, e della scelta delle zone da sottoporre a siero sorveglianza (campionamento esclusivamente in zone senza casi conclamati / campionamento in zone con e senza casi conclamati). Infine, questi dati andrebbero valutati alla luce delle più recenti ipotesi sui fattori che possono influenzare la diffusione e l'impatto della malattia, tra i quali variabili climatiche, struttura e fitness di popolazione, possibili interazioni interspecifiche tra ospiti e fenomeni di differenziamento genetico sia nell'ospite che nell'acaro.

P18. RISCHIO ZONOTICO ASSOCIATO AL CONSUMO DI LATTE CRUDO BOVINO: L'ESPERIENZA DELLA REGIONE VENETO

Damiano Comin, Renzo Mioni, Paola Bordin, Maria Grimaldi
Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

La crescente diffusione di impianti per la vendita diretta di latte crudo dal produttore al consumatore, autorizzata dal Reg. (CE) 853/2004, pone diverse problematiche igienico-sanitarie, con particolare riferimento al rischio di trasmissione al consumatore di agenti zoonotici. Il latte crudo è infatti definito come latte prodotto mediante secrezione della ghiandola mammaria di animali di allevamento che non è stato riscaldato a più di 40°C e non è stato sottoposto ad alcun trattamento avente un effetto equivalente. Pertanto, in assenza di trattamenti termici, esso mantiene inalterata la flora microbica derivante dallo stato sanitario dell'animale e dall'igiene della mungitura. Dati bibliografici rivelano la possibile trasmissione al consumatore tramite il consumo di latte crudo di diversi patogeni; tra questi, rivestono un ruolo di particolare importanza *E. coli* O157:H7, *Campylobacter* termofili, *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes*, *Staphylococcus aureus*, *Yersinia enterocolitica*, e altri. Brucellosi e tubercolosi sono oggetto di profilassi di stato, e alle aziende produttrici è richiesto lo status di "ufficialmente indenne"; tuttavia, la pericolosità di questi patogeni deve indurre a un atteggiamento di cautela, così come per *Mycobacterium paratuberculosis* e altri agenti zoonotici, tra i quali clamidie, corinebatteri, streptococchi, coxielle, ecc. A livello nazionale il riferimento normativo è l'Intesa tra il Governo, le Regioni e le Province autonome di Trento e Bolzano del 25 gennaio 2007. Precedentemente, la Regione Veneto aveva emanato la DGRV n. 2950 del 11.10.2005, riportante specifiche linee guida. Entrambe le norme definiscono prescrizioni igienico-sanitarie sostanzialmente sovrapponibili, differendo solo in merito ad alcuni limiti di riferimento e parametri analitici da considerare. È previsto che il Servizio Veterinario Ufficiale verifichi con cadenza almeno semestrale il mantenimento dei requisiti aziendali e la conformità del latte ai parametri previsti. Nell'ambito di questa attività di vigilanza, nel periodo luglio 2006 - maggio 2007 sono stati raccolti ed esaminati 87 campioni di latte crudo per la ricerca di *Campylobacter* termofili, e 64 campioni per ricerca di *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes* e stafilococchi coagulasi positivi. Complessivamente sono stati controllati 41 impianti, su un totale di una cinquantina presenti (il numero è in rapido aumento). Le metodiche analitiche utilizzate, a eccezione della ricerca dei *Campylobacter* termofili, si basano su norme ISO. Sono risultati positivi due campioni per *Campylobacter* termofili (2,30%) e uno per *Listeria monocytogenes* (1,56%). Uno dei due campioni positivi per *Campylobacter* (*Campylobacter jejuni*), è stato associato a un significativo episodio tossinfettivo. Il rischio che la presenza di patogeni possa generare focolai tossinfettivi di rilievo deve indurre gli operatori all'applicazione di protocolli di autocontrollo che garantiscano elevati standard sanitari degli animali, una elevata igiene della mungitura, un'accurata sanificazione delle attrezzature e un rigido mantenimento della catena del freddo.

GASTROENTERITI IN ETÀ PEDIATRICA: INDAGINE RETROSPETTIVA SUI PRINCIPALI AGENTI ZONOSICI

Arianna Comin (a), Katia Capello (a), Antonia Ricci (b), Stefano Marangon (a), Antonio Scamarcia (c), Luigi Cantarutti (c), Carlo Giaquinto (d), Luca Busani (a,d)

(a) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Società Servizi Telematici, Padova*

(c) *Dipartimento di Pediatria, Università degli Studi, Padova*

(d) *Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

Le enteriti infettive nella popolazione pediatrica rivestono un rilevante ruolo sanitario in tutto il mondo. Nei paesi industrializzati, dove la mortalità associata a forme gastroenteriche è molto bassa, esse sono, tuttavia, un'importante fonte di morbidità. La maggior parte degli agenti di gastroenterite sono ritenuti essere zoonosici, ma la valutazione della diffusione e dell'entità di tali patologie è complicata dalla difficoltà di reperimento di dati quantitativi. Poiché i sistemi di notifica ufficiale non forniscono dati precisi, sono necessarie altre fonti informative e studi mirati. L'obiettivo del presente lavoro è stato di fornire un quadro degli episodi di gastroenterite in una popolazione pediatrica rappresentativa e valutare il ruolo di *Salmonella* e *Campylobacter* quali agenti di zoonosi. Sono state raccolte informazioni su 4.477 episodi di gastroenterite riscontrati tra il 2001 e il 2005 in una popolazione di età compresa tra 0 e 15 anni; i dati provenivano da 93 pediatri (operanti in 32 province italiane) aderenti a una rete di raccolta e gestione di informazioni sanitarie a livello nazionale (Pedianet - www.pedianet.it). Nei 5 anni investigati, si sono riscontrati tra 667 e 1.235 casi su 100'000 di gastroenterite (nel 2005 e nel 2002, rispettivamente), di cui circa il 2% diagnosticata come Campylobacteriosi, il 12% come Salmonellosi e l'86% come enterite infettiva aspecifica. In particolare, le enteriti aspecifiche variavano negli anni tra 579 (IC95% 524-619) e 1108 (IC95% 1044-1176) casi per 100'000, le Salmonellosi tra 86 (IC95% 68-106) e 132 (IC95% 110-158), e le Campylobacteriosi tra 10 (IC95% 5-19) e 19 (IC95% 11-30). L'analisi per fasce d'età ha inoltre mostrato come le enteriti infettive fossero più rare tra 10 e 15 anni e maggiormente frequenti in età pre-scolare (0-5 anni), soprattutto per le forme aspecifiche (1.228/100'000, IC95% 859-1.502). Gli agenti di gastroenterite in età pre-scolare sono prevalentemente patogeni umani (es. *Rotavirus* e *Adenovirus*) per i quali abitualmente non si richiede diagnosi o si presume dal quadro clinico; nelle fasce successive, invece, gli agenti zoonosici sono più rilevanti. La ridotta percentuale di casi con diagnosi specifica potrebbe dipendere da una scarsa attitudine all'uso del laboratorio per diagnostica specialistica e/o a difficoltà operative nella formulazione di una diagnosi definitiva, in particolare per i casi di infezione da *Campylobacter*, che risultano molto inferiori a quanto riportato in altri Paesi. In conclusione, alla luce delle richieste normative in ambito di zoonosi e dell'esigenza di valutare l'efficacia delle misure di controllo attuate in veterinaria attraverso indicatori di salute umana, risulta importante incentivare l'attività diagnostica e le indagini epidemiologiche per le forme di gastroenterite infettiva anche in una popolazione già notevolmente sorvegliata come quella pediatrica.

P19. PREVALENZA DI SALMONELLA, LISTERIA, CAMPYLOBACTER, CLOSTRIDIUM PERFRINGENS E E. COLI O:157 SU CARCASSE DI OVINI MACELLATI IN UNO STABILIMENTO DELLA REGIONE LAZIO

Roberto Condoleo (a), Valentina Spallucci (a), Giuseppe Micarelli (b), Mauro Sborchia (b), Paola De Santis (a), Eda Maria Flores Rodas (a), Tatiana Bogdanova (a) Stefano Bilei (a)
(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Regioni Lazio e Toscana, Roma
(b) Azienda ASL, Viterbo

Durante l'anno 2006, il Servizio Veterinario dell'AUSL VT, ha effettuato presso un grosso stabilimento di macellazione ubicato nella provincia di Viterbo, 630 campioni distruttivi e superficiali su 320 distinte carcasse di agnelli e di ovini adulti, provenienti dall'Italia e dalla Francia, Germania, Spagna, Polonia e Romania. Obiettivo dello studio la valutazione della prevalenza di alcuni dei più comuni agenti di tossinfezione alimentare quali *Salmonella*, *Listeria monocytogenes*, *Campylobacter termotolleranti*, *Clostridium perfringens* ed *E. coli* O:157. In particolare sono stati prelevati 332 campioni (relativi a 171 carcasse), con tampone umido e asciutto e 298 (relativi a 149 carcasse), secondo metodo distruttivo. Le parti della carcassa campionate, secondo ISO 17604:2003 Campionamento delle carcasse per analisi microbiologiche, sono state sterno e coscia. La ricerca dei patogeni è stata eseguita impiegando un metodo immunoenzimatico di screening (ELFA) validato AFNOR e metodi colturali di conferma ISO. La ricerca di *Salmonella* ha fornito esito positivo su 2 tamponi uno superficiale, l'altro distruttivo (2/320 0,62% C.L. 95% 0-1,47%) relativi ad altrettante carcasse di ovini adulti. I ceppi isolati, sottoposti a tipizzazione sierologia, sono stati identificati come *S. enterica subspecie diarizonae* IIIb (61:k1,5,7) Gr O:61 e *S. Enteritidis* (9,12:g,m:-) Gr O:9 (D1). La presenza di *Campylobacter* (*C. coli*, *C. jejuni*, *C. coli* + *C. jejuni*), è stata confermata con metodo biomolecolare in 13 tamponi relativi a 10 differenti carcasse (10/320 3,12% - 95% C.L. 1,22-5,02) mentre 13 sono state quelle riconosciute positive per presenza di *Escherichia coli* O:157 (13/320 4,06% C.L. 95% 1,98-6,14%). La ricerca di *Clostridium perfringens*, effettuata solamente su 300 campioni relativi a 150 carcasse, ha consentito di isolare 6 stipiti da altrettanti ovini adulti (6/150 4% C.L. 95% 0,87-7,13%) tutti appartenenti al medesimo lotto proveniente dalla Spagna. Costantemente negativa è risultata la ricerca di *Listeria monocytogenes*. L'analisi relativa al numero delle carcasse contaminate per i singoli agenti patogeni in funzione della provenienza, ha evidenziato una differenza statisticamente significativa per la presenza di *Campylobacter* (F di Fischer p-value = 0.003) e di *E. coli* O:157 (Chi-quadro=6.61 p-value = 0.01) nelle carcasse di ovini provenienti dai paesi europei rispetto a quelle di provenienza nazionale. La medesima analisi per *Salmonella* non è risultata viceversa significativa per l'esiguità dei riscontri positivi. Considerando l'età dei singoli animali in relazione alle contaminazioni registrate, le carcasse di agnello sono risultate significativamente più contaminate rispetto a quelle di ovino adulto per *Campylobacter* (F di Fischer p-value = 0.0000916) e per *E. coli* O:157 (F di Fischer p-value = 0.0085).

P20. INDAGINE SU *ESCHERICHIA COLI* O157 IN LIQUAMI BOVINI DI ALLEVAMENTI DEL VENETO

Gabriella Conedera (a), Chiara Targhetta (a), Denis Vio (a), Marzia Mancin (b), Tina Lombardo (a)

(a) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Sezione Territoriale di Pordenone, Cordenons*

(b) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

E. coli O157 può sopravvivere a lungo nelle feci bovine che pertanto, se non sottoposte ad adeguato stoccaggio o trattamento, possono rappresentare un potenziale veicolo di diffusione di questo patogeno nell'ambiente, con contaminazione di suolo, acque e colture. Obiettivo dell'indagine, rientrando in un progetto finanziato dal Ministero della Salute, è stato quello di valutare la presenza di *E. coli* verocitotossico (VTEC) O157 in deiezioni fresche di allevamenti bovini di alcune province del Veneto, ricercandolo anche nelle vasche di stoccaggio dei liquami degli allevamenti risultati positivi. I dati ottenuti possono contribuire a una stima del rischio di contaminazione da VTEC O157 a seguito di spandimento dei liquami bovini. Ai fini dell'indagine è stata definita una numerosità di 100 campioni di liquami freschi da allevamenti di bovini da latte e 100 da allevamenti di bovini da carne (prevalenza attesa del 3%, IC 95%), la cui raccolta è stata pianificata in autunno 2005 e in primavera-estate 2006, includendo cioè le stagioni in cui è segnalata la maggior escrezione fecale del microrganismo. Un totale di 188 campioni di liquame fresco (103 da allevamenti di bovini da latte e 85 di bovini da carne) sono stati raccolti a monte della vasca di stoccaggio e testati per la presenza di *E. coli* O157 tramite immunoseparazione magnetica. VTEC O157 è stato isolato in 37 allevamenti (19,7%), con maggiore prevalenza negli allevamenti di bovini da carne (22,4%) rispetto a quelli da latte (17,5%). È stata evidenziata una maggiore prevalenza di allevamenti positivi nel periodo primavera-estate; tale trend stagionale, con maggiore prevalenza nei mesi caldi, è risultato statisticamente significativo ($p=0,0052$). Tutti gli stipiti di *E. coli* O157 isolati dai 37 allevamenti positivi sono risultati provvisti in PCR dei geni *eae* e *VT*: 31 ceppi possedevano il gene *VT2*, 1 il gene *VT1* e 5 entrambi. *E. coli* O157 è stato quantificato in tutti i 37 campioni di liquame fresco positivi tramite la tecnica *Most Probable Number*, riscontrando valori compresi fra <0.3 e 1500 MPN/g; nel 67% dei campioni sono risultati inferiori a 9.3 MPN/g. La presenza di VTEC O157 in deiezioni fresche di un'elevata percentuale degli allevamenti controllati, e il suo riscontro anche nei liquami presenti nella vasca di stoccaggio nel 34,4% degli allevamenti positivi, indicano che il rischio di contaminazione in caso di spandimento di liquami insufficientemente stoccati non va sottovalutato. Tuttavia in questo caso, il basso numero di microrganismi rilevato in un'elevata percentuale dei liquami e l'ulteriore periodo di stoccaggio a cui erano destinati, avrebbero significativamente limitato tale rischio.

P21. ISOLAMENTI DI BATTERI NEUROPATOGENI DA TESSUTO NERVOSO DI OVI-CAPRINI MORTI NELLE PROVINCE DI FIRENZE, PRATO E PISTOIA

Franco Corrias (a,b), Alessandra Belli (a), Paola Marconi (a), Alice Piazza (a), Ilaria Paladini (a), Fernando Palmerini (a), Rosalba Giannini (a), Valentina Relisti (a), Giovanni Brajon (a)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Regioni Lazio e Toscana, Sezione di Firenze, Firenze

(b) Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore Sanità, Roma

Le patologie del sistema nervoso centrale degli ovi-caprini sono spesso sottostimate a causa della difficile diagnosi sia clinica che epidemiologica. Nell'ambito del piano di sorveglianza per la scrapie ovi-caprina, che prevede una serie di accertamenti diagnostici di tipo differenziale, abbiamo condotto un'indagine per la ricerca di agenti batterici neuropatogeni. Sono stati effettuati tamponi di tessuto nervoso prelevati dall'encefalo di soggetti di età superiore a 18 mesi pervenuti alla Sezione di Firenze dell'Istituto Zooprofilattico nell'ambito della sorveglianza per la scrapie. In nessun caso l'anamnesi era riferibile a patologie neurologiche. Nel periodo compreso tra ottobre 2004 e dicembre 2006 sono stati complessivamente esaminati 348 tamponi da cui sono stati isolati i seguenti ceppi di batteri neuropatogeni: 36 *Cl. perfringens*, da solo o in associazione ad altri clostridi, 18 *Cl. sordelli*, 10 *Salmonella* spp.: di queste, 7 appartenenti alla subsp. *diarizonae* (6 riferibili a subsp. IIIb O:61 e 1 riferibile a subsp. IIIb O:17) e 1 alla subsp. *arizonae* (IIIa O:16); 1 ceppo di *S. enterica* subsp. *houtenae* (subsp. IV O:38) e 1 ceppo di *S. Napoli* O:9; *Listeria monocytogenes* è stata isolata in 3 casi, 2 ovini e 1 caprino. Questa ricerca ha permesso di evidenziare la presenza di patogeni in azienda altrimenti non identificabili. I risultati ottenuti comporteranno dei necessari approfondimenti sia da un punto di vista della sanità animale (tossinotipo clostridico, epidemiologia delle infezioni da *Salmonella*, aborti) che zoonosico (ruolo di *S. Napoli* nelle infezioni e delle listeriosi). In particolare è in corso di valutazione epidemiologica la presenza di *S. diarizonae* isolato come agente abortigeno soprattutto nel nord Europa e Gran Bretagna. La stessa *Salmonella* è stata da noi isolata anche da formaggio pecorino stagionato in provincia di Pistoia. Interessante è anche l'isolamento di *S. diarizonae* in una capra, segnalamento eccezionale in Europa. La ricerca sistematica dei suddetti agenti batterici può contribuire ad aumentare le conoscenze epidemiologiche fornite dai piani di monitoraggio sanitario presenti sul territorio nazionale che sono abbastanza limitati relativamente alla specie ovi-caprina ma possono essere di sicuro interesse a livello sanitario territoriale.

STUDIO TRASVERSALE “PASSI - 2006” LA SICUREZZA ALIMENTARE IN AMBITO DOMESTICO E LA PREVALENZA DEGLI EPISODI DI DIARREA

Marco Cristofori (a, b), Gaia Scavia (b), Nancy Binkin (c), Alberto Perra (c), Pierluigi Piras (b), Pina di Lorenzo (b), Mauro Ramini (b), Daniela Lombardi (b), Giuliano Carrozzi (b), Paolo Niuitta (b), Maria Miceli (b), Vincenzo Casaccia (a)

(a) *Centro Studi per la Ricerca epidemiologica e biostatistica in Sicurezza Alimentare, Orvieto*

(b) *Quinta coorte Profea, Master in Epidemiologia Applicata, Università degli Studi Tor Vergata, Roma*

(c) *Centro Nazionale di Epidemiologia, Sorveglianza e Promozione della Salute, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

Il tema della sicurezza alimentare viene considerato tra gli elementi più importanti delle politiche di Sanità Pubblica a livello mondiale. I dati relativi all'occorrenza delle tossinfezioni alimentari sottostimano le dimensioni del fenomeno e i sistemi di sorveglianza attuati spesso non consentono di ottenere dati sulla reale incidenza (es. reti di sorveglianza di laboratorio). A tale riguardo si ritiene che la massima percentuale di casi di tossinfezione alimentare (circa l'80%), siano provocate da comportamenti inadeguati presso gli stessi ambienti domestici. Lo studio PASSI 2006 (Progressi delle Aziende Sanitarie per la Salute in Italia), studio trasversale di prevalenza puntuale basato su intervista telefonica strutturata, fra le varie sezioni riguardanti i comportamenti e i fattori di rischio della popolazione di età compresa fra i 18 e i 69 anni aveva anche una sezione dedicata alla sicurezza alimentare e alla prevalenza/incidenza dei casi di diarrea nei 12 mesi precedenti l'intervista. Dai dati analizzati di 35 ASL di 7 Regioni (4.905 record) si è potuto stimare che il 64% delle persone intervistate ha assunto uno o più cibi crudi nell'ultimo mese con differenze molto significative per sesso (di più i maschi), classi di età (di più i giovani), per grado di istruzione (di più chi ha alto grado di istruzione - diploma o laurea). Il 69% degli intervistati scongela gli alimenti in modo scorretto (a temperatura ambiente); Leggono sempre o spesso le etichette il 74% del campione con differenze significative per età (di più la classe 35-49 anni e quella 50-69, i giovani 18-34 anni sono meno attenti) tuttavia solamente il 38% del campione legge le modalità di conservazione e il 37% le istruzioni di uso. Quasi tutti leggono la data di scadenza (93%). Seguendo la linea guida dell'OMS del 2003 e anche altri studi internazionali (CDC di Atlanta, *The International Collaboration on Enteric Disease Burden of Illness studies*, ecc.) si è tentato di stimare i casi di diarrea nella popolazione in studio cercando di capire quante persone si erano rivolte a un operatore sanitario e quante erano state sottoposte a esame delle feci. Il 24,5% degli intervistati ha fatto uno o più episodi di diarrea (almeno tre scariche nelle 24 ore) con differenze significative per classi di età (gli episodi diminuiscono con l'aumentare dell'età); il dato più interessante è che c'è una correlazione diretta e statisticamente significativa fra l'assunzione di cibi crudi e la frequenza degli episodi enterici. Il 37% degli episodi sono stati segnalati a un medico, solamente nel 21% dei casi è stato richiesto un esame delle feci.

P22. STUDIO EPIDEMIOLOGICO-COMPARATIVO SUI BENEFICI MANAGERIALI E SANITARI LEGATI ALLA GESTIONE INFORMATIZZATA DELL'ALLEVAMENTO DELLA BUFALA DA LATTE

Marco Cristofori, Vincenzo Casaccia

Centro Studi per la Ricerca Epidemiologica e Biostatistica in Sicurezza Alimentare, Orvieto

L'allevamento della bufala da latte sta diventando una valida alternativa anche in zone che non avevano culturalmente tale tipo di imprenditorialità agricola. La gestione informatizzata dell'alimentazione e di altri parametri produttivi in questo tipo di allevamento è rara e non ci sono dati precisi sull'efficienza di questi sistemi, come invece è ormai consolidato nell'allevamento della vacca da latte. Lo studio, che si è svolto su un periodo di 8 mesi, ha preso in considerazione una valutazione con metodo epidemiologico - statistico delle *performance* produttive, sanitarie e generali di *management* di un allevamento, confrontando i dati dell'anno 2005, anno in cui non era attivo il sistema informatizzato, con quelle dell'anno 2006 completamente gestito dal programma. Sono stati rilevati i dati relativi alla produzione aziendale e ai consumi alimentari, nonché i parametri clinici relativi ad alcune delle patologie più frequenti. Il *software-hardware* utilizzato è stato adattato alle esigenze dell'Allevamento che conta circa 250 capi totali e circa 80-100 animali in lattazione. Tutti gli animali adulti hanno una radio - trasmettente collocata sul piede anteriore che, tramite sistema codificato identifica l'animale e invia i dati al computer centrale che gestisce un archivio di parametri relativi a ogni soggetto e, in base a questi, rileva la produzione, la quantità di mangime da somministrare, misura le cellule somatiche, misura e rileva i calori ecc. Tutte le informazioni sono estrapolabili dal sistema. La produzione mediana giornaliera per l'anno 2006 è di 1,65 litri in più rispetto a quella del 2005, essendo le bufale in mungitura in questo periodo circa 100 si ha un aumento di produzione mensile quantificabile intorno ai 165 kg. (differenza significativa); Il costo relativo all'alimentazione è stato ridotto del 20% nel periodo considerato (differenza significativa); per quanto riguarda i parametri igienico-sanitari del latte si è avuta una riduzione ulteriore del contenuto in cellule somatiche e si è visto che la carica microbica totale si è mantenuta sui valori precedenti che erano già buoni. Non si è verificata, nel periodo considerato, nessuna patologia ruminale o metabolica, mentre nell'anno precedente si sono avute costipazioni e acidosi con zoppie. La fertilità della mandria ha trovato un miglioramento evidente soprattutto nelle bufale che sono oltre la terza lattazione. Per quanto riguarda i problemi di endometrite, nel periodo riscontrato non c'è stato nessun caso. È dimostrato da quanto risultato dalla ricerca svolta che, ottimizzando i parametri gestionali, si ottimizzano anche i parametri produttivi con notevole incremento della redditività dell'azienda. Questo è legato a una riduzione dei costi variabili legati all'alimentazione e anche, seppure in maniera ridotta, ad alcune patologie cliniche e ostetriche e a un aumento della produzione lattea importante.

P23. UN POSSIBILE METODO PER IL CALCOLO DELLA SHELF-LIFE DI UN PRODOTTO CARNEO STAGIONATO MEDIANTE PROVA DI ACCELERAZIONE

Marco Cristofori, Vincenzo Casaccia

Centro Studi per la Ricerca Epidemiologica e Biostatistica in Sicurezza Alimentare, Orvieto

Per di un alimento si intende quell'intervallo di tempo entro il quale il progresso dei processi di degradazione permette di poter consumare il prodotto in condizioni di sicurezza. Questa è dipendente dagli eventi biochimici che si verificano nel prodotto considerato. La temperatura di conservazione gioca un ruolo essenziale nell'evoluzione dei processi degradativi e le prove di accelerazione utilizzate per il calcolo della *shelf-life* si basano sul principio dello stress delle temperature. Considerando alcuni protocolli impiegati negli studi della shelf life si possono esprimere in forma parametrica le relazioni fra la temperatura e la velocità di un processo di degradazione secondo l'equazione di Arrhenius (M. Riva DISTAM Milano). La ricerca ha preso in considerazione un insaccato stagionato tenendo conto di alcuni parametri analitici storici del salume in oggetto che evidenziano la regolarità dei parametri analizzati e la ripetibilità totale delle condizioni di stagionatura. I parametri presi in considerazione per la valutazione della *shelf-life* sono stati:

- pH, A_w ;
- azoto basico libero totale;
- numero dei perossidi.

È stato individuato un lotto unico pronto per il confezionamento, dal lotto sono stati presi 18 campioni e sono stati conservati sottovuoto secondo le seguenti modalità:

- 6 campioni a 8°C;
- 6 campioni a 16°C;
- 6 campioni a 22-24°C.

I campioni sono stati analizzati a distanza di 40 giorni circa per i parametri sopra riportati fino a quando uno degli stessi non risultasse al di fuori del limite accettabile. Utilizzando l'equazione $K=K_0 \cdot \exp(-E_a/RT)$ si è potuta calcolare la *shelf-life* del prodotto e il Q10 (coefficiente di accelerazione per un aumento di 10° di temperatura). Possiamo dire che il calcolo della *shelf-life* di prodotto preceduto da prove di microbiologia predittiva in fase di progettazione dello stesso, e seguito da alcune valutazioni di tipo statistico rappresenta, a nostro modo di vedere, uno studio completo ai fini della valutazione della conservabilità di un alimento e permette di avere dei parametri di confronto per validare il processo produttivo e, probabilmente, anche le specifiche di produzione. Da non sottovalutare il fatto che con questo tipo di approccio si mettono in atto i procedimenti base del regolamento 178/2002 CE e del cosiddetto "Pacchetto Igiene" comunitario.

P24. LA MALATTIA VESCICOLARE DEL SUINO NELLA REGIONE VENETO (2006-2007): DESCRIZIONE DELLE CARATTERISTICHE DELL'EPIDEMIA

Manuela Dalla Pozza (a), Stefano Nardelli (a), Michele Bricchese (b), Chiara Ceolin (a),
Lebana Bonfanti (a), Monica Lorenzetto (a), Stefano Marangon (a)

(a) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Servizio Sanità Animale, Igiene degli Allevamenti e delle Produzioni Zootecniche,
Regione Veneto, Venezia*

La malattia vescicolare del suino (MVS) è un'infezione a carattere infettivo e diffusivo, che causa forme cliniche sovrapponibili a quelle causate da afta epizootica. Per tale ragione è stata inserita nella lista dell'OIE e come tale soggetta a notifica obbligatoria da parte degli stati colpiti. È causata da un virus attualmente classificato come una variante suina del coxsackievirus B5 e membro del genere *Enterovirus* della famiglia *Picornaviridae*. È stata descritta per la prima volta in Italia nel 1966 e successivamente notificata in molti paesi dell'Europa e asiatici. L'attuale situazione epidemiologica in Europa vede l'Italia come l'unico paese ancora colpito dall'infezione. Per tale ragione è in atto un programma di sorveglianza esteso a tutto il territorio nazionale. Le Regioni del sud d'Italia non hanno ancora ottenuto lo status di indennità da tale infezione, essendo stati notificati nell'ultimo decennio episodi di malattia ricorrenti. Le Regioni del centro-nord sono indenni dal 1997. Anche in queste sono stati osservati episodi sporadici di introduzione dell'infezione (1989, 1999, 2002), ma l'applicazione sistematica delle misure di eradicazione e controllo ha permesso una pronta estinzione dei focolai. Nel corso del 2006-2007 si è assistito a una recrudescenza della malattia nelle Regioni della Lombardia e del Veneto. In quest'ultima Regione sono state coinvolte alcune stalle di sosta e di allevamenti di tipo familiare. La presenza dell'infezione nel focolaio primario del Veneto è stata rilevata in seguito a un monitoraggio sierologico mirato in una stalla di sosta, conseguente alla rilevazione di sieropositività in suini macellati in Lombardia. Le informazioni epidemiologiche relative ai fattori di rischio di introduzione e diffusione della malattia sono state raccolte attraverso la compilazione della scheda di indagine epidemiologica prevista dal manuale operativo per afta e malattia vescicolare. a oggi sono stati segnalati un totale di 30 focolai in Lombardia quasi tutti in allevamenti industriali di suini e 8 della Regione Veneto. Nella Regione Veneto, i principali fattori di rischio di diffusione dell'infezione sono stati la movimentazione di suini infetti e i contatti indiretti fra allevamenti. Scopo del presente lavoro è quello di descrivere le caratteristiche dell'epidemia di MVS, dell'evoluzione della situazione epidemiologica e delle misure di controllo intraprese nella Regione Veneto fra la fine del 2006 e i primi mesi del 2007.

P25. MISURE DI CONTROLLO DELL'INFLUENZA AVIARIA IN ITALIA NEGLI ANNI 2000-2005: IL PIANO DI VACCINAZIONE D'EMERGENZA

Manuela Dalla Pozza (a), Chiara Ceolin (a), Calogero Terregino (a), Luca Busani (a,d), Laura Favero (b), Lebana Bonfanti (a), Giovanni Ortali (c), Stefano Marangon (a)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

(b) Unità Progetto Sanità Animale e Igiene Alimentare, Regione Veneto, Venezia

(c) Gruppo Verones, S. Martino Buon Albergo, Verona

(d) Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore di Sanità, Roma

Tra il 2000 e il 2005 in Veneto e Lombardia si sono verificate numerose epidemie di influenza aviaria a bassa patogenicità (LPAI) che hanno colpito gravemente il patrimonio avicolo di queste Regioni. Per far fronte alle numerose ondate epidemiche, i servizi veterinari in accordo con la filiera avicola, hanno attivato una serie di misure di controllo dell'infezione tra cui lo *stamping out*, la macellazione controllata, il divieto di accasamento e la restrizione delle movimentazioni. In aggiunta a queste misure è stato attivato un programma di vaccinazione di emergenza in un'area ben definita del territorio colpito, basato sulla strategia "DIVA". Tale programma prevedeva la vaccinazione di tutte le specie avicole a lungo ciclo produttivo e dei soggetti maggiormente a rischio di infezione da LPAI (tacchini da carne e ovaiole). Per seguire l'andamento della situazione epidemiologica è stato messo in atto un intenso programma di monitoraggio nella popolazione di volatili dell'area di vaccinazione. È stato inoltre implementato un sistema informativo per la gestione dei dati generati dal programma di vaccinazione, con lo scopo di monitorare l'attività svolta e lo stato sanitario degli allevamenti soggetti al programma. Questo lavoro si propone di descrivere le caratteristiche dei programmi di vaccinazione applicati in Italia durante le epidemie di LPAI e il sistema informativo attivato per monitorare e valutare i risultati degli stessi.

P26. LA SIMULAZIONE NAZIONALE PER INFLUENZA AVIARIA: DESCRIZIONE E RISULTATI DELLE ATTIVITÀ NELLA REGIONE VENETO

Manuela Dalla Pozza (a), Michele Bricchese (b), Fabrizio Agnoletti (a), Antonio Brino (c), Luca Gaspari (c), Silvestro Abrami (d), Ezio Bianchi (e), Stefano De Rui (f), Nicola Ferrè (a)
(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova
(b) Servizio Sanità Animale, Igiene degli Allevamenti e delle Produzioni Zootecniche, Regione Veneto, Venezia
(c) Servizi Veterinari Az-UISS n 7 del Veneto, Pieve di Soligo
(d) Servizi Veterinari ASL, Brescia
(e) Gruppo Veronesi, S. Martino Buon Albergo, Verona
(f) Servizi Veterinari Az-UISS n 8 del Veneto, Asolo

La preparazione degli interventi finalizzata al controllo e all'eradicatione dell'influenza aviaria, ha assunto negli ultimi anni un ruolo centrale nelle attività dei servizi veterinari. La nuova normativa comunitaria recante misure di lotta contro l'influenza aviaria, dispone la predisposizione del piano nazionale di emergenza e la verifica della sua operatività attraverso percorsi formativi ed esercizi di simulazione. Nel 2006 è stata pianificata, da parte del Ministero della Salute in collaborazione con il Centro di Referenza nazionale per influenza aviaria, una simulazione nazionale, che si è realizzata nel mese di luglio ed ha coinvolto 3 Regioni italiane fra cui il Veneto. Scopo del presente lavoro è quello di descrivere l'operatività del sistema e le attività svolte nel corso della simulazione effettuata nel Veneto. L'obiettivo della simulazione è stato quello di testare il piano di emergenza e i suoi protocolli operativi nella fase che riguarda il sospetto di malattia, fino alla sua conferma da un punto di vista diagnostico. Hanno partecipato alla simulazione nel Veneto due ASL, l'Istituto Zooprofilattico e i Servizi veterinari Regionali. Le attività in corso di simulazione sono state registrate attraverso un apposito documento di valutazione. La simulazione si è svolta in due giornate lavorative nel corso delle quali sono state realizzate tutte le attività previste dal manuale d'emergenza (operazioni sul campo, raccolta e trasmissione dei dati come previsto dal sistema informativo, riunioni ecc.). La risposta dei servizi veterinari è stata tempestiva, organizzata e coordinata fra le diverse componenti della sanità veterinaria. L'esperienza ha fornito spunti interessanti per il miglioramento delle modalità di comunicazione in corso di emergenza fra enti coinvolti e delle procedure operative previste dal manuale operativo attualmente in corso di revisione.

P27. RUOLO DEGLI ANIMALI DOMESTICI E SELVATICI NELLE DERMATOFITOSI

Patrizia Danesi (a), Carmelo Furnari (b), Antonio Frangipane di Regalbono (c), Luciano Boffo (d), Elena Porcellano (a), Laura Biasion (a), Franco Mutinelli (a), Gioia Capelli (a)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

(b) ASL 20, Verona

(c) Dipartimento di Scienze Sperimentali Veterinarie, Università degli Studi, Padova

(d) ASL 14 del Veneto, Chioggia

Il ciclo biologico di funghi patogeni o potenzialmente patogeni per l'uomo è strettamente legato a fattori ambientali e sociali. Nell'epidemiologia delle micosi l'animale svolge importanti ruoli sia come vettore di micosi, sia come "donatore" di substrato (peli, feci, ecc.) su cui i miceti si possono sviluppare. Dal 2005 presso l'IZS delle Venezie animali domestici (campioni della routine e di indagini mirate) e selvatici sono oggetto di studi micologici, diretti a valutare il loro ruolo nell'epidemiologia delle dermatofitosi. Sono stati processati 1.734 campioni provenienti da cani e gatti di proprietà (417 e 55 campioni), cani di canile (464), gatti di colonia (265), conigli (29 allevamenti) e animali selvatici (504 carcasse congelate principalmente di volpe, mustelidi e ruminanti selvatici). Dei campioni esaminati 179 (10,32%) sono risultati positivi per 5 specie di dermatofiti: due specie zoofile, quali *Microsporium canis* con la prevalenza più alta (40,22%) e *Trichophyton mentagrophytes* (9,50%) e 3 specie geofile, quali *Microsporium gypseum* (13,41%), *Microsporium cookei* (1,12% isolato solo da 2 selvatici), *Trichophyton terrestre* (35,75%). Dal confronto fra gatti di colonia e gatti di proprietà e fra cani di canile e cani di proprietà non si evidenziano differenze significative nelle prevalenze dei dermatofiti isolati. Il risultato relativo ai gatti potrebbe essere viziato dal fatto che i gatti di proprietà (55) non sono stati scelti *random*, ma esaminati per sospetto diagnostico. La prevalenza di dermatofiti nei gatti (43,26%) rispetto quella dei cani (9,66%) è significativamente maggiore. Negli animali selvatici la prevalenza di dermatofiti totali è pari a 12,50% e negli animali domestici pari a 9,43%, differenza non significativa. Considerando però le specie zoofile distinte da quelle geofile risulta che la prevalenza per dermatofiti geofili nei selvatici (10,91%) è significativamente maggiore rispetto ai domestici (2,85%). Al contrario, i domestici risultano maggiormente portatori di specie zoofile (6,57%) rispetto ai selvatici (1,59%). L'analisi conferma che nell'area urbana le dermatofitozoonosi più importanti sono causate da *Microsporium canis* isolato prevalentemente da gatti rispetto ai cani. I gatti in particolare possono essere portatori asintomatici e pertanto a potenziale zoonotico maggiore, poiché non riconosciuti infetti e non trattati. Inoltre, occorre ricordare che una "animalizzazione" non controllata (randagi, colonie) dell'ambiente arricchisce il suolo di elementi che possono favorire lo sviluppo di miceti geofili o saprofiti come *Microsporium gypseum* e/o *Criptococcus* spp. Il potenziale zoonotico degli animali selvatici appare invece trascurabile per i più importanti dermatofiti.

P28. CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE DI STIPITI DEL VIRUS DELLA PESTE SUINA AFRICANA ISOLATI IN SARDEGNA NEL CORSO DELLA EPIZOOZIA 2004-2005

Gian Mario De Mia (a), Carmina Gallardo (b), Elena Martin (b), Annalisa Oggiano (c),
Claudia Pellegrini (a), Silvia Dei Giudici (c), Marisa Arias (b)

(a) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia*

(b) *Centro de Investigacion en Sanidad Animal (CISA), Madrid, Spagna*

(c) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sardegna, Sassari*

In Sardegna, dopo circa cinque anni di relativa calma epidemica, la peste suina africana ha avuto durante il biennio 2004-2005 la più estesa ondata epidemica dell'ultimo decennio. Allo scopo di chiarirne la situazione epidemiologica, abbiamo analizzato le caratteristiche genetiche di otto recenti isolati e le abbiamo confrontate con quelle di stipiti risalenti al periodo 1978-1998. La caratterizzazione molecolare è stata effettuata mediante analisi di sequenza su Regioni indipendenti del genoma virale comprendenti parte del gene p72 oltre a 5 altre Regioni variabili contraddistinte dalla presenza di sequenze *tandem repeats* (RTS) comprendenti 3 geni (E183L=R1, I196L=R5, B602L=R6) e 2 Regioni intergeniche (I73R/I329L=R3, I78R/I215L=R4). Il DNA è stato estratto mediante QIAamp DNA Mini kit. Le diverse Regioni sono state amplificate con coppie di *primers* specifiche. Gli amplificati sono stati purificati e sottoposti a sequenziamento. Due delle Regioni analizzate, (p72 e B602L) sono state clonate in vettore pGEM-T *Easy Vector* e sequenziate mediante il kit *Big Dye Terminator v1.1 Cycle Sequencing*. Le sequenze ottenute sono state allineate mediante il software Clustal X (versione 1.83) con sequenze di stipiti di riferimento. Gli alberi filogenetici sono stati costruiti con software MEGA (versione 1.32). Sulla base dei risultati ottenuti, l'analisi di sequenza relativa al gene p72, pone gli isolati sardi all'interno del grande e omogeneo genotipo I, nel quale sono compresi anche gli stipiti sardi '78-'98 oltre a virus provenienti da America del sud, Caraibi, Africa occidentale ed Europa. L'analisi delle Regioni R3, R4, R5 e R6 non mostra sostanziali differenze tra gli isolati sardi più vecchi e quelli recenti. Infine, l'analisi delle TRS presenti a livello del gene B602L, pone i virus sardi in due gruppi genetici. Il primo, genotipo III, include isolati del periodo 1978-1990 (con esclusione di uno, che è invece del '98). L'altro gruppo, genotipo X, comprende tutti i nuovi virus insieme a 12 isolati del periodo 1990-1998. Questo secondo genotipo differisce dal primo per presentare una delezione di 12 tetrameri. In conclusione, la caratterizzazione molecolare effettuata ha potuto individuare differenze genotipiche solo a carico della regione relativa al gene B602L. Su questa base, tutti gli stipiti sardi, dal 1978 al 2005, possono essere suddivisi in due genotipi che differiscono unicamente per una delezione. Pertanto è verosimile ritenere che uno stipite sia potuto derivare dall'altro, piuttosto che pensare a una reintroduzione di virus nell'isola. Ulteriori differenze tra virus così strettamente correlati potrebbero essere acquisite estendendo l'analisi a un numero maggiore di Regioni variabili.

P29. PIANO DI MONITORAGGIO STRAORDINARIO PER L'INFLUENZA AVIARIA NELL'AVIFAUNA ACQUATICA CACCIABILE IN VENETO

Roberta De Nardi (a), Alessandra Drago (a), Angela Salomoni (a), Sonia Calderola (b),
Alessandro Costato (c), Carlo Raffaelli (d), Calogero Terregino (a)

(a) *Centro di Referenza Nazionale e Laboratorio OIE/FAO per la Malattia di Newcastle e
l'Influenza Aviaria, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Unità di Progetto Caccia e Pesca, Regione Veneto, Venezia*

(c) *Ufficio Risorse Faunistiche, Caccia, Provincia di Rovigo, Rovigo*

(d) *Veterinario libero professionista, Padova*

Com'è noto i volatili acquatici, in particolare gli Anseriformi e i Caradriiformi, rappresentano il principale serbatoio naturale dei virus dell'influenza aviaria e costituiscono una delle maggiori fonti d'introduzione di questi virus in aree popolate da specie domestiche sensibili. A seguito delle segnalazioni, in Europa e in Italia, di casi d'infezione in uccelli selvatici provocati da virus influenzali ad alta patogenicità (HPAI) H5N1, la Regione Veneto ha voluto intensificare la sorveglianza nell'avifauna attraverso un piano di campionamento straordinario nelle principali aree umide. Nell'arco di due stagioni venatorie (2005/06 e 2006/07) sono stati raccolti 2.828 campioni (tamponi tracheali e cloacali) da 12 differenti specie di volatili acquatici da parte di personale appositamente formato (guardie provinciali, inanellatori, veterinari). I campioni sono stati raccolti da capi abbattuti durante la normale attività venatoria e messi volontariamente a disposizione dai cacciatori. I tamponi venivano immersi in soluzione salina tamponata con fosfato (PBS) contenente antibiotici con il 10% di glicerolo e trasportati a basse temperature (+2-8°C) al laboratorio diagnostico entro 24 ore dalla raccolta. Il primo *screening* dei campioni è stato effettuato mediante *real-time* RT-PCR (RRT-PCR) specifica per i virus influenzali di tipo A. Dai campioni positivi veniva tentato l'isolamento virale in uova embrionate secondo quanto indicato nel manuale diagnostico dell'OIE. Di 2.828 campioni 169 sono risultati positivi in RRT-PCR (6%) per virus influenzali di tipo A. Dai positivi sono stati isolati 23 virus influenzali a bassa patogenicità appartenenti a nove differenti sottotipi (H1N1, H1N3, H3N8, H4N6, H6N2, H7N7, H10N1, H10N7 e H10N8). Non è stata rilevata la circolazione di HPAI virus nelle aree campionate. Dai dati ottenuti si conferma l'importante ruolo di alcune specie di anatidi nell'epidemiologia dei virus influenzali. In particolare alcune specie (Germano, Alzavola, Fischione e Mestolone) devono costituire il *target* principale per la sorveglianza virologica verso questa malattia. Molte di queste sono facilmente reperibili nel cantiere durante la stagione venatoria e quindi possono essere facilmente messe a disposizione per l'attività di monitoraggio. A differenza delle catture di animali vivi tramite apposite trappole, la raccolta di questo tipo di campioni è di sicuro economicamente più vantaggiosa e di più di semplice realizzazione. Per una corretta attuazione di questo tipo di attività occorre una stretta collaborazione tra gli istituti diagnostici, i centri epidemiologici, i servizi veterinari regionali, gli enti provinciali e le associazioni venatorie. Se correttamente pianificata, l'analisi dei campioni ottenuti dall'avifauna cacciabile può costituire nel periodo invernale un importante tassello della sorveglianza verso l'influenza aviaria.

EPIDEMIE DI GASTROENTERITE DA NOROVIRUS IN ITALIA 2005-2007

Ilaria Di Bartolo (a), Antonio Goglio (b), Annalisa Grigis (b), Natale Lorenzi (c), Caterina Rizzo (d), Marilina Santantonio (e,f), Tolinda Gallo (g), Massimo Zuliani (g), Franco Maria Ruggeri (a)

(a) *Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

(b) *Dipartimento Prevenzione e Sorveglianza delle Infezioni, USC Microbiologia e Virologia, Ospedali Riuniti, Bergamo*

(c) *Servizio Prevenzione ed Epidemiologia delle Malattie Infettive, ASL, Bergamo*

(d) *Dipartimento Biologia del Farmaco, Università degli Studi, di Bari, Centro Nazionale di Epidemiologia, Sorveglianza e Promozione della Salute, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

(e) *Dipartimento di Medicina Interna e Sanità Pubblica, Università degli Studi, Bari*

(f) *Centro di Referenza Regionale per gli Enteropatogeni, Puglia, Bari*

(g) *Dipartimento di Prevenzione, Azienda per i Servizi Sanitari 4 Medio Friuli, Udine*

I *Norovirus* (NoV) sono virus enterici con genoma a RNA a polarità positiva (7.2-7.7 kb) composto da tre *open reading frame* (ORF). La ORF1 codifica per una poli-proteina non strutturale, l'ORF2 codifica per la proteina strutturale principale e la ORF3 codifica per una proteina strutturale minore. Nell'uomo i NoV causano sintomatologia gastroenterica (GE) spesso associata a focolai epidemici che coinvolgono un ampio numero di persone. Dall'analisi filogenetica delle sequenze della ORF2, i NoV vengono suddivisi in 5 genogruppi (GG): i virus appartenenti al GGI e al GGII sono stati individuati nell'uomo, il GGIII è stato identificato solo nei bovini (*Bovine Enteric Calicivirus*, BECs) e, pur essendo distinto dal GGI, si dimostra geneticamente correlato. Nell'uomo, l'infezione da NoV ha un decorso acuto autolimitante. Tuttavia, la ridotta carica infettante e la persistenza nell'ambiente favoriscono epidemie anche molto vaste, per passaggio persona-persona e/o esposizione ad alimenti (frutti di mare, vegetali e frutta), acque o ambienti contaminati con virus. Il crescente numero di epidemie descritte a livello mondiale ha favorito la nascita di un *network* Europeo (FBVE) in cui convergono le informazioni virologiche ed epidemiologiche sulle epidemie causate da *Norovirus* dei 13 paesi partecipanti. All'interno dell'FBVE l'Italia è rappresentata dall'Istituto Superiore di Sanità. In questo studio vengono descritti i risultati delle indagini virologiche ed epidemiologiche condotte durante epidemie di GE in Italia negli anni 2005-2007. Sono state analizzate un totale di 20 epidemie verificatesi in ospedali, case di cura, hotel e ristoranti. Gli episodi epidemici hanno coinvolto principalmente persone anziane e la via di trasmissione più frequente è stata quella persona-persona, sebbene in due delle epidemie descritte si sia accertato il coinvolgimento di alimenti nella trasmissione del virus. La caratterizzazione molecolare del tratto di genoma amplificato durante le analisi diagnostiche condotte mediante RT-PCR ha confermato la circolazione di diversi genotipi di *Norovirus* in Italia, simili ai tipi virali presenti negli altri paesi europei. Nonostante la persistente sottonotifica degli episodi epidemici di gastroenterite da *Norovirus* in Italia, appare evidente come questi patogeni rivestano un ruolo importante nella eziologia delle gastroenteriti epidemiche anche nel nostro paese.

P30. L'ECHINOCOCCOSI CISTICA IN LOMBARDIA

Anna Rita Di Cerbo (a), Maria Teresa Manfredi (a), Enrico Brunetti (b), Alberto Meriggia (b), Domenico Fattori (c)

(a) *Dipartimento Patologia Animale, Igiene e Sanità Pubblica Veterinaria, Sezione Patologia Generale Veterinaria e Parassitologia, Università degli Studi, Milano*

(b) *Divisione di Malattie Infettive e Tropicali, IRCCS Fondazione S.Matteo, Università degli Studi, Pavia*

(c) *Asl provincia di Lodi c/o Inalca, Ospitaletto Lodigiano, Lodi*

Scopo del presente lavoro è fornire un quadro aggiornato sulla situazione epidemiologica dell'Echinococcosi cistica (EC) in Lombardia. L'indagine ha riguardato un campione di 822 pecore e 121 capre macellate in Lombardia, nel 2004. Sono stati inoltre considerati i dati relativi allo stesso anno sulle macellazioni (112.521 capi) di bovini lombardi effettuate presso uno stabilimento per la produzione e trasformazione di carni bovine e bufaline, in provincia di Lodi. Gli allevamenti positivi sono stati georeferenziati e i dati sono stati analizzati in ambiente GIS. Sono stati, inoltre, raccolti i dati sui casi umani di EC, consultando il *data base* regionale, relativo al 2004, delle schede di dimissione ospedaliera dell'Assessorato alla Sanità della Lombardia. Nessuna delle capre esaminate è risultata positiva per EC. Le cisti idatidee sono state rinvenute in 3 pecore adulte ($P=0,36\%$; $95\%CI: 0,09-1,15$) e in 322 bovini provenienti da 285 allevamenti lombardi ($P=3,16\%$; $95\%CI: 2,83-3,52$). I soggetti infestati (1-5 capi per azienda) al momento della macellazione avevano età comprese tra 1 e 17 anni e il 96,6% era di sesso femminile. Per quanto concerne la casistica umana, l'EC era una delle diagnosi di dimissione in 156 pazienti con età comprese tra 10 e oltre 80 anni e con una *sex ratio* decisamente in favore dei maschi (rapporto maschi/femmine pari a 1:0,58). Le sedi di localizzazione delle cisti sono risultate il fegato (79,5% dei casi), i polmoni (13,5%) e altri organi (7%). Il 72,4% dei casi riscontrati si riferiscono a pazienti residenti in Lombardia e il resto è costituito da soggetti originari di altre Regioni o addirittura di altri Paesi. I risultati ottenuti confermano che l'Echinococcosi cistica in Lombardia è una zoonosi ipoendemica e soprattutto il rischio di EC per l'uomo è attuale a fronte dei dati pubblicati dall'*European Food Safety Authority* (The EFSA Journal 2005). Si ritiene inoltre che i bovini non abbiano un ruolo attivo nel ciclo del parassita, tenuto conto delle modalità di allevamento e macellazione adottate nella Regione. Tuttavia la collocazione delle aziende positive lungo le principali vie di transumanza delle greggi ovine e il fenomeno invece diffuso delle macellazioni ovine non controllate, portano alle seguenti considerazioni conclusive: i dati raccolti esclusivamente presso macelli autorizzati, possono sottostimare la reale prevalenza di EC soprattutto di ovini e caprini; i cani da pastore a seguito delle greggi transumanti possono rappresentare un fattore importante di rischio per l'uomo, a causa della possibile contaminazione di uova nelle aree verdi contigue alle aziende zootecniche.

P31. VALUTAZIONE DELL'ACCLIMATAMENTO NEL CONTROLLO DELLA PRRS IN UN ALLEVAMENTO SUINO DA RIPRODUZIONE

Michele Drigo (a), Giacomo Bortoletto (a), Maria De Mateo-Aznar (b), Letizia Ceglie (b), Marco Martini (a)

(a) *Dipartimento Sanità Pubblica, Patologia Comparata e Igiene Veterinaria, Università degli Studi, Padova*

(b) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

La Sindrome Riproduttiva e Respiratoria del Suino (PRRS) ha un impatto rilevante sull'allevamento suino. La complessa epidemiologia e patogenesi dell'infezione e l'assenza di strumenti di profilassi indiretta completamente efficaci comportano l'adozione di strategie di controllo mirate alla convivenza con l'infezione e alla riduzione dei danni da essa provocati. Questo studio valuta l'efficacia e i punti critici di una strategia di controllo della PRRS basata sull'acclimatamento delle scrofette da rimonta in una azienda suinicola da riproduzione del Veneto in cui dalla metà degli anni '90 circola l'infezione. La rimonta prevede partite mensili di 52 scrofette, di 3-4 settimane d'età, provenienti da un centro certificato PRRS-free. L'acclimatamento inizia con l'immissione delle scrofette nel reparto svezzamento in box intervallati a box di lattoni autoctoni e coetanei. Dopo circa un mese scrofette e lattoni vengono posti per un mese nel reparto magronaggio, sempre intervallando i box. Le scrofette proseguono poi l'acclimatamento per 3 mesi nel reparto accrescimento, assieme a gruppi di 12 lattoni di 6-8 settimane, sostituiti ogni 2 settimane, impiegati come possibili fonti di virus. Sono stati effettuati prelievi di sangue in 6 gruppi di scrofette a fine acclimatamento, in 6 gruppi di lattoni usati come "untori", testati sia all'inizio che alla fine delle 2 settimane, per verificare la presenza di viremia e in 3 gruppi di 100 magroni, per fotografare la generale situazione epidemiologica aziendale in cui si colloca l'intero percorso di acclimatamento. Il test ELISA (Se 97,4% - Sp 99,6%) e la RT-PCR (Se 90% - Sp 100%) sono stati i metodi usati per la quantificazione degli anticorpi anti-PRRSv e l'identificazione dell'RNA virale sia del ceppo europeo che di quello americano. Gli RNA virali sono stati sequenziati per verificare la composizione della popolazione virale circolante in azienda. L'acclimatamento delle scrofette risulta efficace, raggiungendo percentuali di copertura anticorpale superiori al 90%. Tuttavia sono emersi alcuni aspetti critici come la progressiva diminuzione del numero di soggetti viremici tra i lattoni "untori", spiegabile con il parallelo aumento di immunità passiva. I gruppi di scrofette tuttavia hanno dimostrato un trend positivo di copertura anticorpale, indicando che il contatto con PRRSv avviene prima della fase di accrescimento, probabilmente nel reparto magronaggio. Questa situazione deve essere monitorata in futuro per la scelta degli animali da impiegare come "untori" o per valutare l'effettiva necessità di mantenere questo accorgimento in una strategia di acclimatamento che risulta essere comunque efficace in termini di risultati riproduttivi nel controllo della PRRS.

ANALISI SPAZIALE E TEMPORALE DEI FOCOLAI DI BLUE TONGUE IN SARDEGNA

Salvatore Farina (a), Gianicola Sanna (b), Gabriele Angioni (c), Luigino Ermini (d), Antonio Scala (e), Fabio Ostanello (f)

(a) Servizio Prevenzione Assessorato dell'Igiene e Sanità e dell'Assistenza Sociale, Regione Autonoma Sardegna, Cagliari

(b) Servizio Veterinario A.S.L. N. 7, Carbonia

(c) Medico veterinario libero professionista, Sassari

(d) Intervet Italia s.r.l., Peschiera Borromeo, Milano

(e) Dipartimento Biologia Animale, Università degli Studi, Sassari

(f) Dipartimento di Sanità Pubblica Veterinaria e Patologia Animale, Università degli Studi, Bologna

L'utilizzo dei sistemi informativi geografici, in associazione a strumenti statistici in grado di identificare *cluster* di malattia nello spazio e nel tempo, offre numerosi vantaggi: consente di individuare le aree a maggior rischio, senza la necessità di specificare, a priori, la loro sospetta localizzazione o estensione; tiene conto delle differenze di densità di popolazione; può essere aggiustato per eventuali covariate. Questo tipo di analisi è stata impiegata per valutare la presenza di *cluster* di *Blue Tongue* (BT) nel periodo settembre-dicembre 2006 nel territorio di competenza dell'ASL di Carbonia (16 Comuni, 891 kmq di superficie totale). Sul territorio sono presenti 488 allevamenti ovini e caprini con un patrimonio di circa 80.000 capi. L'epidemia, sostenuta da BTV1, ha interessato 122 allevamenti con oltre 28.000 capi, causando la morte di 1.552 animali. È stato utilizzato il metodo *Spatial Scan Statistics* (SSS) (SatScan ver.7: *Software for spatial and space-time scan statistics*, National Cancer Institute, Bethesda, USA), attribuendo ciascun caso di malattia alle coordinate geografiche (°Ovest, °Sud) dell'allevamento di provenienza. Il modello utilizzato (*Space-time permutation model*) prevede che il numero di casi osservati in un *cluster* venga comparato con quello che ci si potrebbe attendere se la localizzazione nello spazio e nel tempo di tutti i casi fosse indipendente. Pertanto, si ottiene un *cluster* di malattia quando, in una determinata area geografica, durante uno specifico periodo di tempo, il numero di casi osservati è in eccesso rispetto a quelli che si verificano nelle aree circostanti. L'analisi ha evidenziato un'area a rischio significativamente aumentato ($P < 0,01$; osservati/attesi: 1,76), di raggio 2,62 km comprendenti 24 allevamenti del Comune di Sant'Anna Arresi nel periodo ottobre-novembre 2006 (*cluster* 1). Sono inoltre stati individuati altri 6 *cluster* secondari, comprendenti un numero inferiore di allevamenti e con finestre temporali più ridotte negli altri Comuni dell'ASL. I risultati hanno quindi evidenziato una distribuzione non omogenea dei casi di BT sul territorio nel corso del periodo di tempo considerato. Tale tipo di osservazione potrà essere utilizzata per meglio caratterizzare le condizioni epidemiologiche (umidità, caratteristiche del suolo, densità di vettori, ecc.) che possono contribuire a determinare un aumento di incidenza della BT in alcune aree geografiche.

P32. RISANAMENTO DI UN'AREA STORICAMENTE ENDEMICA DA LEUCOSI BOVINA ENZOOTICA

Francesco Feliziani (a), Giancarlo Nicolai (b), Giovanni Chiatti (b), Domenico Pengo (c), Alberto Brozzi (d), Ugo Della Marta (e), Marcello Sala (d)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale Umbria e Marche, Perugia

(b) ASL Viterbo, Viterbo

(c) Comune di Monteromano, Viterbo

(d) Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lazio e Toscana, Roma

(e) Dipartimento Area Sanitaria e Tutela degli Animali, Regione Lazio, Roma

Il Piano di Eradicazione nei confronti della Leucosi Bovina Enzootica (DL n. 358 del 2 maggio 1996) ha già permesso ad alcune Regioni o Province di raggiungere la qualifica di indennità, ma altrove, particolarmente nel centro sud, persistono alcune sacche di infezione. In questi anni l'epidemiologia della Leucosi Bovina Enzootica (LEB) è completamente cambiata: la maggiore prevalenza di infezione non è più a carico delle aziende da latte, dove sono state applicate con efficacia le misure previste dal piano e attualmente il problema è soprattutto rappresentato nella "linea vacca vitello" in allevamenti allo stato brado che rendono particolarmente difficoltose le attività di profilassi. Un esempio di questa situazione è rappresentato dal Comune di Monteromano in provincia di Viterbo dove esiste una realtà zootecnica assolutamente particolare: all'interno di una base del Ministero della Difesa si trovano una quarantina di aziende e circa 4.000 bovini di razza maremmana allevati allo stato brado; il comprensorio della base logistica abbraccia un'area di circa 6 ettari, che, sommati all'annesso poligono di tiro portano, l'estensione totale a oltre 5.000 ettari. La gestione degli animali nell'area del poligono militare è possibile solo nei momenti in cui non siano previste attività dell'esercito. Questo rende particolarmente difficile l'applicazione delle previste norme di polizia sanitaria quali la corretta identificazione degli animali secondo il regolamento comunitario n. 1760/2000 e i piani obbligatori di profilassi. La LEB è stata introdotta in questa popolazione alla fine degli anni settanta probabilmente attraverso l'importazione di tori infetti e successivamente è diventata endemica comportando forti perdite dal punto di vista economico. Nel 2005 gli allevatori hanno sollecitato la costituzione di un tavolo tecnico che ha visto la collaborazione del Centro di Referenza Nazionale, dell'IZS Lazio e Toscana, della Regione Lazio, del Servizio veterinario della ASL di Viterbo e del Comune di Monteromano. È stato elaborato un programma di intervento basato su quattro punti principali: 1) realizzazione di uno studio epidemiologico per verificare la presenza di sottopopolazioni a maggior rischio di infezione; 2) realizzazione o restauro di recinti di contenimento per consentire l'identificazione degli animali e le attività di profilassi; 3) monitoraggio sierologico mediante tecnica ELISA, 4) negoziazione degli accessi al poligono con le autorità militari. L'immediata applicazione del programma di intervento e la collaborazione di tutti ha portato a un rapido decremento della prevalenza di infezione già nel corso del 2005 e alla fine del 2006 tutti gli allevamenti avevano acquisito la qualifica di indennità.

UN MODELLO MATEMATICO PER LA SIMULAZIONE DELLA PSC NEL CINGHIALE

Massimo Fenati, Vittorio Guberti

Istituto Nazionale per la Fauna Selvatica, Ozzano dell'Emilia, Bologna

La Peste Suina Classica (PSC) è una malattia virale, altamente contagiosa e di grande rilevanza economica. Il ruolo del selvatico nel mantenimento dell'infezione è ancora discusso. È stato sviluppato un modello dell'infezione basato sulle metapopolazioni che simula la dinamica del virus in una rete spaziale di popolazioni connesse. La sua bontà è stata confrontata con i dati dell'epidemia di PSC nel cinghiale a Varese e nel Ticino tra il 1997 e il 2000. In sintesi il modello indica che:

- i soggetti persistentemente infetti rivestono un importante ruolo nell'epidemiologia dell'infezione in natura;
- le consuete pratiche venatorie non dimostrano di essere in grado di modificare l'evoluzione naturale dell'epidemia se non a tassi di prelievo (>70% all'anno) tecnicamente irraggiungibili. La sospensione del prelievo non produce alcun effetto rilevante;
- la vaccinazione rappresenta un valido strumento di gestione della PSC nei cinghiali purchè si vaccini almeno il 40% degli animali recettivi. L'effetto principale ascrivibile alla vaccinazione è di ridurre fino a ostacolare la diffusione spaziale dell'infezione circoscrivendo il focolaio in prossimità del punto di insorgenza, limitando di fatto la persistenza del virus nella popolazione. L'aumento del numero di campagne vaccinali per anno incrementa la probabilità di estinzione del virus anche con livelli di vaccinazione inferiori al 40%;
- la comunità critica di mantenimento del virus è numericamente molto bassa e quindi in presenza di grandi aree infette è altamente probabile che effetti stocastici combinati e relativi alla fertilità della popolazione ospite, al diverso impatto dell'attività venatoria, alla diversa proporzione di animali vaccinati, consentano al virus una persistenza endemica in aree ristrette.

Da un punto di vista generale il modello indica che l'unità di campionamento per verificare sia la presenza del virus sia gli effetti degli eventuali interventi debba essere rappresentata dalla comunità critica di mantenimento del virus. Tale comunità è stimata in circa 1.500 animali che, nelle condizioni ecologiche europee corrispondono a una superficie massima di circa 200 kmq. Le attività di campionamento per ricerca del virus o per la verifica dell'efficacia delle campagne di vaccinazione andrebbero effettuate sulla base di piccole aree contenenti la comunità critica di mantenimento del virus piuttosto che considerando l'area infetta nella sua totalità.

P33. APPLICAZIONE DI METODI DI MULTIPLE CRITERIA METHODS (MCM) NEL CONTESTO DEL PIANO DI MONITORAGGIO BLUE TONGUE IN VENETO

Nicola Ferrè (a), Paolo Mulatti (a), Mattia Cecchinato (b), Gioia Capelli (c), Laura Bortolotti (a), Luca Busani (a,d), Alda Natale (c), Lebara Bonfanti (c), Stefano Marangon (c)

(a) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Dipartimento di Sanità Pubblica, Patologia Comparata e Igiene Veterinaria, Università degli Studi, Legnaro, Padova*

(c) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(d) *Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

La *Blue Tongue* (BT) è una malattia virale (*Reoviridae: Orbivirus*) che colpisce i ruminanti ed è trasmessa da insetti ematofagi del genere *Culicoides*. Dal 2000, numerose Regioni italiane sono state e sono attualmente interessate da questa malattia. Secondo il Piano di Monitoraggio Nazionale, attivato a partire dal 2000 e recentemente modificato, l'Italia è stata suddivisa in tre aree in base allo stato sanitario e al livello di rischio di introduzione e diffusione della malattia. Il Veneto appartiene all'area considerata esposta al livello più basso di rischio. Lo scopo primario del piano di monitoraggio in questa Regione è l'individuazione rapida di possibili introduzioni di virus, in modo tale da mettere in atto misure volte a limitarne la diffusione. Allo scopo di individuare le aree maggiormente esposte al rischio di introduzione e diffusione di BT in Veneto, è stata condotta un'analisi preliminare, tramite un approccio combinato secondo la metodologia del *Multiple Criteria Methods* (MCM). Sono stati presi in considerazione i seguenti criteri: le strategie di campionamento previste dal Piano di Monitoraggio, l'importazione di animali da Regioni infette (come l'Italia centro-meridionale e altri Paesi europei interessati da presenza di malattia), la presenza di vettori *Culicoides* spp. rilevata tramite catture e la densità degli allevamenti di bovini riproduttori e da ingrasso. Per valutare la densità territoriale delle popolazioni prese in considerazione è stato applicato il *kernel estimator*. I risultati ottenuti sono stati quindi riclassificati combinando le diverse informazioni e ottenendo un'analisi di *overlay* visuale che ha permesso di individuare le zone con la maggior densità di bovini da ingrasso e di bovini importati da aree a rischio, che contemporaneamente avevano pochi bovini da riproduzione (considerati sentinelle) e insufficienti dati da catture di culicoidi (assenza di trappole). Queste aree sono state quindi considerate le più esposte a rischio di introduzione di BT e, di conseguenza oggetto di particolare attenzione nella definizione della strategia di monitoraggio da associare alle attività previste dal piano nazionale.

P34. PUBLIC PARTICIPATION GIS. APPLICAZIONI IN SANITÀ PUBBLICA E VETERINARIA

Nicola Ferrè (a), Paolo Mulatti (a), Luca Busani (a,c), Manuela Dalla Pozza (a), Antonia Ricci (a), Stefano Marangon (b)

(a) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(c) *Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

Negli ultimi anni il GIS (*Geographical Information Systems*) è stato oggetto di notevoli evoluzioni sul piano tecnico e scientifico che ne hanno aumentato le potenzialità applicative anche nell'ambito della Sanità Pubblica e della Veterinaria. Dall'iniziale impiego di mappe tematiche utilizzate per scopi di ricerca o di valutazione di problematiche di carattere veterinario e in genere distribuite a una ristretta cerchia di persone interessate, si è passati, per mezzo di Internet, alla pubblicazione di mappe dinamiche destinate alla presentazione di dati d'interesse veterinario sia a operatori specializzati sia al comune cittadino. Nel contempo però, il progressivo sviluppo tecnologico, ha consentito di strutturare i sistemi geografici permettendo un certo grado d'interazione con l'utente esterno e di armonizzare i dati tra i vari fornitori di informazioni. Sono stati quindi sviluppati i concetti di *Spatial Data Infrastructure* (SDI) e di *Public Participation GIS* (PPGIS). Il termine SDI indica un insieme di tecnologie, modelli di dati e modalità di accesso alle informazioni geografiche che permettono un uso efficiente delle risorse e una ridotta ridondanza dei dati. In particolare la parola infrastruttura sottolinea la presenza di un ambiente di supporto solido e affidabile per la redistribuzione dell'informazione geografica. Con PPGIS si definisce una struttura organizzativa che mette a disposizione di un gruppo di utenti un'informazione geografica ottenuta attraverso il contributo di ciascun utente, evitando la ridondanza dei dati e garantendo l'integrità, la completezza e il dettaglio dell'informazione. Un sistema geografico strutturato in funzione di SDI e PPGIS ha i seguenti vantaggi:

- migliorare la qualità dei dati per la compartecipazione dei diversi utenti alla definizione del dato;
- migliorare *risk communication* e *risk assessment* grazie al maggior numero di informazioni rese disponibili attraverso il *data sharing*;
- rendere più "democratica" l'informazione geografica aprendola anche a utenti non "avanzati".

L'implementazione in un sistema di questo tipo è alla base di un progetto del Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV) per la costruzione di un'infrastruttura di dati geografici che permetterà, attraverso la collaborazione e la condivisione di dati con le aziende sanitarie regionali e con altri enti presenti in Regione, la costituzione di un *data base* contenente informazioni geografiche relative a varie tipologie di insediamenti zootecnici e l'analisi di eventi di interesse veterinario.

P35. MODELLO DI DATI GEOMATICI IN AMBITO VETERINARIO

Nicola Ferrè (a), Paolo Mulatti (a), Luca Busani (a,c), Manuela Dalla Pozza (a), Stefano Marangon (b)

(a) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(c) *Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

Molte delle applicazioni riguardanti i sistemi informativi territoriali (SIT) in ambito veterinario presentate in letteratura, sono state sviluppate per rispondere a delle specifiche richieste funzionali od operative, come ad esempio SIT specie-specifici, o dedicati alla gestione di una malattia, SIT attinenti a uno specifico flusso informativo o relativi all'analisi geo-statistica di una data epidemia. Tutti questi SIT hanno in comune la necessità di dover disporre di un geo *data base* contenente le informazioni territoriali delle entità oggetto di studio, ovvero la posizione geografica degli insediamenti d'interesse veterinario. È solo attraverso una corretta strutturazione dell'informazione geografica e un appropriato uso dei dati a essa associabili, che le applicazioni SIT possono essere utilizzate come validi strumenti analitici. A tal fine è necessario definire i modelli di dati geomatici impiegati; l'insieme di assunzioni geomatiche volte a definire in maniera generalizzata e condivisa una serie di proprietà associate all'oggetto d'analisi. I modelli di dati sono strutturati in base ai seguenti elementi costitutivi:

- descrizione dello *spatial object*: definizione del tipo di primitiva da associare all'evento (punto, linea o poligono);
- scelta degli attributi da associare (ulteriori informazioni e specifiche);
- definizione delle regole volte a garantire l'integrità del dato, relazioni spaziali e regole topologiche. In genere con queste regole si va a stabilire il comportamento spaziale dei singoli oggetti nel *data base* (es: non è possibile che segmenti di due fiumi diversi si sovrappongano) e le relazioni tra oggetti di diversi *geo data base* (es: due allevamenti diversi, descritti da poligoni, non possono sovrapporsi);
- caratterizzazione dei *layer*: le modalità di rappresentazione dei dati geografici, le scale, i simboli e le etichette che possono essere utilizzate per ogni *feature class*;
- redazione del metadato: pubblicazione di tutte le informazioni geografiche che descrivono il *dataset*.

Il lavoro condotto descrive i procedimenti presi in considerazione per una proposta di modello di dati per gli allevamenti di molluschi nella Regione Veneto, con particolare attenzione alle relazioni spaziali e alle regole topologiche. Questo è il primo esempio di un modello di dati specifico per la molluschicoltura.

P36. CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE DI *C. PERFRINGENS* ENTEROTOSSIGENO NEI RUMINANTI DOMESTICI E SELVATICI

Katia Forti, Antonio De Giuseppe, Giulio Severi, Simone Marcaccio, Miriam Menichelli, Chiara Magistrali, Fausto Guglielmi, Marco Gradi, Monica Cagiola
Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia

Clostridium perfringens è l'agente causale di enterotossiemie in molte specie animali e di gravi forme di tossinfezioni alimentari nell'uomo, in quest'ultime, per quanto riguarda la frequenza di isolamento è preceduto soltanto da *Salmonella* e *Staphylococcus aureus*. Si tratta prevalentemente di *C. perfringens* tipo A produttore della tossina α , veicolato solitamente da alimenti di origine animale, contaminati. Costatato l'enorme aumento delle clostridiosi nei ruminanti, i cui prodotti sono destinati al consumo umano, è stata fatta un'attenta indagine epidemiologica per valutare il grado di diffusione degli stipiti enteropatogeni in tali specie animali. La metodica impiegata per identificare i vari tossinotipi è stata quella della reazione a catena della polimerasi. È stata messa a punto una PCR *Multiplex* a partire da colonia batterica, che permette di individuare i geni (*cpa*, *cpb1*, *etx*, *iap*, *cpb2*, *cpe*) che codificano rispettivamente per le 4 principali esotossine prodotte ($\alpha, \beta, \epsilon, i$) e per ulteriori 2 tossine minori (CPE, $\beta 2$). In particolare queste ultime due tossine sono state recentemente individuate e ritenute essere responsabili di gravi gastroenteriti nell'uomo ed enteriti necrotico-emorragiche in diverse specie animali. Presso l'IZS Umbria e Marche dal 2003 al 2007 sono stati processati 310 ceppi di *C. perfringens* isolati da materiale patologico prelevato da animali di diversa specie, presenti nel territorio umbro. Circa il 70% dei ceppi proveniva da materiale prelevato da ruminanti domestici e selvatici (211) che avevano presentato sintomatologia e lesioni anatomo-patologiche riconducibili a clostridiosi. I risultati dell'indagine condotta hanno evidenziato in tali specie animali l'assenza dei tossinotipi B ed E mentre è stata confermata l'elevata diffusione del tossinotipo A, in accordo con i risultati ottenuti anche da altri ricercatori. Tale genotipo infatti è stato rilevato nel 68,7% degli animali e prevalentemente nei bovini mentre il 23,7% dei casi è risultato essere di genotipo A- $\beta 2$. Il tipo D è stato associato alla specie ovina in percentuale pari al 7,1% e nel 3,3% dei casi è stata riscontrata la presenza dei geni per l'enterotossina CPE (tipo D-CPE). Infine circa l'1% dei campioni è risultato essere di tipo C. Relativamente ai ruminanti selvatici (alpaca, caprioli, mufloni) è stata evidenziata la presenza solo del tipo A (1,17%) e A- $\beta 2$ (0,52%). I dati ottenuti confermano l'esigenza di inserire i nuovi tossinotipi A- $\beta 2$ e D-CPE nella formulazione vaccinale al fine di garantire una corretta profilassi immunizzante nel territorio, in considerazione soprattutto del fatto che l'enterotossina CPE è quella direttamente associata alle tossinfezioni alimentari umane.

P37. LA SORVEGLIANZA DELLE RESISTENZE AGLI ANTIBIOTICI IN *CAMPYLOBACTER* ZONOSICI IN ALCUNE SPECIE ZOOTECHNICHE IN ITALIA

Alessia Franco (a), Alessandra Di Egidio (a), Sarah Lovari (a), Manuela Iurescia (a), Gessica Cordaro (a), Paola Di Matteo (a), Luigi Sorbara (a), Roberta Onorati (a), Valentina Donati (a), Antonia Ricci (b), Giuseppe Merialdi (c), Chiara Magistrali (d), Pasquale Gaspari (e), Oliviero Bassoli (f), Fausto Ruffini (g), Alessandro De Bassa (h), Antonio Battisti (a)

(a) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Regioni Lazio e Toscana, Roma*

(b) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(c) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Reggio Emilia*

(d) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia*

(e) *AUSL, Cesena*

(f) *USL Distretto di Carpi, Modena*

(g) *Veterinario Libero Professionista, Teramo*

(h) *USL Distretto di Sassuolo, Modena*

Una delle principali malattie batteriche enteriche nei paesi industrializzati è la Campylobatteriosi, sia per quanto riguarda il carico di malattia che i costi a essa associati. È sostenuta principalmente da *Campylobacter jejuni* e in minor misura da *C. coli*. Tali agenti si riscontrano comunemente nell'intestino di animali zootecnici in buono stato di salute (specie aviarie in particolare, suini, bovini, ovini) e in animali da compagnia e selvatici. L'uomo si infetta comunemente consumando prodotti di origine animale contaminati lungo la filiera produttiva o in seguito a cross-contaminazioni durante la preparazione degli alimenti. Tra il 2004 e il 2006 il Centro Nazionale di Referenza per l'Antibioticoresistenza ha coordinato, in collaborazione con la rete degli IZZSS, campionamenti casuali di contenuti intestinali di specie aviarie (polli, tacchini), suini e bovini al macello, provenienti da aziende diverse di alcune Regioni rappresentative del territorio italiano (Lazio, Toscana, Venezie, Emilia-Romagna, Abruzzo, Umbria, Marche). Tali campionamenti hanno fornito informazioni rilevanti anche sui tassi di isolamento negli animali zootecnici e stime di prevalenza tra gli allevamenti. Presso il Centro Nazionale di Referenza per l'Antibioticoresistenza, gli isolati sono stati confermati a livello di specie mediante *Polymerase Chain Reaction* e saggiati nei confronti di un panel rappresentativo di molecole di consenso internazionale (Eritromicina, Ampicillina, Gentamicina, Acido Nalidixico, Ciprofloxacina, Tetraciclina, Sulfa/Trimethoprim), secondo metodica di *Minimum Inhibitory Concentration*. Nelle specie considerate, in rapporto alle diverse condizioni di allevamento e di pressione selettiva, sono state riscontrate differenze nella prevalenze di resistenza alle molecole antimicrobiche considerate. Nell'ultimo decennio, nei paesi industrializzati si è assistito all'emergenza e alla diffusione di resistenze ai fluorochinoloni e ai macrolidi in *C. jejuni* e *C. coli* isolati da specie zootecniche, associato all'uso estensivo di molecole appartenenti alle suddette classi. Dai dati ottenuti dal monitoraggio, sono state rilevate

resistenze elevate ai fluorochinoloni in *C. jejuni* e *C. coli* nelle specie aviarie e *C. coli* nel suino, mentre è emergente la resistenza ai macrolidi in alcune filiere produttive. È noto che tali classi di antimicrobici rappresentano i farmaci di elezione delle infezioni invasive da *Campylobacter* nell'uomo. Il monitoraggio continuo delle resistenze in *Campylobacter* zoonosici nelle produzioni zootecniche sarà utile a fornire informazioni sempre aggiornate sulle tendenze di resistenza nei confronti di molecole preziose per la terapia.

P38. VALUTAZIONE DEL RISCHIO TOSSICOLOGICO DI RESIDUI E CONTAMINANTI DEGLI ALIMENTI DI O.A.

Chiara Frazzoli, Sabrina Tait, Roberta Tassinari, Francesca Baldi, Cinzia La Rocca, Stefano Lorenzetti, Caterina Macri, Francesca Maranghi, Gabriele Moracci, Alberto Mantovani
Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore di Sanità, Roma

L'attività di ricerca si occupa dello sviluppo di modelli sperimentali, *in vivo* e *in vitro*, per la valutazione del rischio dei contaminanti e dei residui degli alimenti. Particolare attenzione viene data all'attività degli *Interferenti Endocrini* (IE), un eterogeneo gruppo di sostanze caratterizzate dalla capacità di alterare, attraverso diversi meccanismi, l'omeostasi endocrina soprattutto degli steroidi sessuali e degli ormoni tiroidei. Le loro caratteristiche chimico-fisiche permettono a tali composti di persistere nell'ambiente e bioaccumulare nei tessuti animali e nella catena alimentare, con conseguente biomagnificazione. La suscettibilità all'azione degli IE risulta particolarmente rilevante per alcune fasce di popolazione come ad esempio le donne in gravidanza e i bambini in quanto per tali individui l'attività endocrino-metabolica è essenziale per il corretto sviluppo pre- e post-natale. È quindi importante adottare opportuni metodi di studio al fine di effettuare un'adeguata valutazione del rischio per queste sostanze, da sole o in miscele più complesse. I diversi approcci adottati nel nostro gruppo di ricerca sono mirati quindi a:

- la caratterizzazione tossicologica di potenziali IE, quali contaminanti di pascoli/mangimi (HCH, bisditiocarbammati, organofosforici) e molecole utilizzate in zootecnia (indazoli, azidi);
- la messa a punto di nuovi approcci per l'identificazione di meccanismi di azione di IE (tossicogenomica) e di attività biologiche associate a contaminanti in mangimi e alimenti (biosensoristica).

Infine, vengono descritte le attività di comunicazione mediante il sito dedicato agli IE <http://www.iss.it/inte>, che dal 2007 comprende EDID, la prima base di dati sulle interazioni fra IE e componenti della dieta.

P39. RANDAGISMO FELINO E MONITORAGGIO AMBIENTALE URBANO

Carmelo Furnari (a), Francesco Ferrarini (a), Andrea Pagan de' Paganis (a), Flavio Sbardellati (a), Patrizia Danesi (b), Gioia Capelli (b)

(a) Servizio Veterinario Multizonale ULSS 20, Verona

(b) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

I gatti, nostri alleati nella caccia al topo, rappresentano già da molti secoli uno dei primi e più funzionali esperimenti di lotta biologica messi in atto dall'uomo. I randagi, inoltre, per la loro distribuzione in ambiente urbano, oltre che utili al mantenimento di questo delicato equilibrio naturale, rivestono un altro importante ruolo, che non può più essere disconosciuto, quello di indicatori di sanità ambientale, sia biologica che chimico-fisica. In relazione alla diffusione del virus influenzale H5N1, ad esempio, è stato a più riprese analizzato l'importante ruolo che potrebbe essere rivestito dai gatti nella diffusione del virus influenzale tant'è che l'*European Advisory Board on Cat Disease* ha emesso proprie raccomandazioni pratiche per i veterinari in caso di riscontro di sospetta infezione nella pratica ambulatoriale. Inoltre, studi condotti recentemente su gatti provenienti da colonie feline nel territorio parmense hanno consentito di effettuare una prima, interessante valutazione delle concentrazioni di alcuni metalli pesanti nel loro sangue. Altrettante indagini possono essere svolte, peraltro, per il monitoraggio ambientale del fenomeno neoplastico, in considerazione del fatto che molti aspetti dello stile di vita dei gatti ricalcano, in ambito urbano, quello dell'uomo. Per fare ciò occorre, dopo aver individuato le colonie feline presenti in ambito urbano e la "gattara" referente, la cui preziosa collaborazione consente di monitorarne l'andamento demografico e gli spostamenti dei soggetti che ne fanno parte, realizzare accurate mappe territoriali possibilmente associate a funzionali *data base*. Gli elementi acquisiti nella fase di monitoraggio sanitario (prelievi di materiale organico e biologico, visite periodiche) consentono poi di poter elaborare opportune strategie di prevenzione sanitaria. Il Servizio Veterinario Multizonale dell'USSL 20 già dal 1989 ha avviato, di concerto con altri Enti riconosciuti, un *Programma per il controllo del randagismo felino*, articolato e funzionale, che dopo quasi 18 anni necessita di un adeguamento alla luce di nuovi e più funzionali strumenti informatici ora disponibili, all'evoluzione epidemiologica e a una crescente sensibilità registrata nei confronti della tutela ambientale. Nel presente lavoro vengono riportati i dati relativi all'attività fin qui svolta, vengono messe a confronto differenti modalità di mappatura delle zone interessate, compresi i sistemi informativi territoriali, delle colonie feline presenti sul territorio delle ULSS della provincia di Verona e vengono illustrate le potenzialità applicative di un piano di monitoraggio ambientale condotto attraverso i gatti randagi in qualità di animali sentinella.

LA BIOLOGIA MOLECOLARE APPLICATA ALLE PIROPLASMOSI DEGLI ANIMALI SELVATICI

Roberta Galuppi (a), Cristina Bonoli (a), Rudi Cassini (b), Maria Paola Tampieri (a)
(a) Dipartimento di Sanità Pubblica Veterinaria e Patologia Animale, Università degli Studi, Bologna
(b) Dipartimento di Scienze Sperimentali Veterinarie, Università degli Studi, Padova

L'identificazione e la classificazione tradizionale di *Babesia* spp. è basata sugli aspetti morfologici della forma intraeritrocitaria visibile negli strisci di sangue di animali infetti. Questa analisi, insieme alla specificità dell'ospite, ha portato alla descrizione di più di 100 specie di *Babesia*, che infettano un'ampia varietà di vertebrati. Si è però visto che specie differenti possono sembrare nello stesso ospite morfologicamente simili e viceversa lo stesso parassita può avere caratteristiche microscopiche differenti in ospiti diversi. Recenti studi molecolari hanno evidenziato come alcune specie di *Babesia* in grado di infettare differenti ospiti, siano in realtà sinonimi di una stessa specie. In questo lavoro sono riportati i risultati dell'applicazione di metodiche biomolecolari nello studio delle babesiosi degli animali selvatici. È stata messa a punto una metodica di PCR su sangue prelevato da animali selvatici (cinghiale, capriolo, daino, cervo, camoscio, muflone, volpe, lepre) in varie zone del nord Italia, amplificando un frammento di circa 800bp del 18S-rRNA. Per questo è stata utilizzata una coppia di primer: il primo genericamente usato per gli apicomplexa (CRYPTO- F), l'altro più specifico per *Babesia* spp. (RLB-R2). I campioni positivi sono stati sequenziati e sottoposti ad analisi filogenetica, e su una parte degli amplificati sono state effettuate prove per discriminare le diverse specie di emoprotozoi con l'uso di diversi enzimi di restrizione. Sono stati esaminati complessivamente 241 animali. È stata riscontrata una notevole variabilità di specie di piroplasmi: i caprioli sono risultati positivi per *B. divergens*, *Babesia* EU1, *Babesia* MO1, *Theileria* spp. e un ceppo riconducibile a quello descritto in un cane in Spagna, correlato a *B. microti*; quest'ultimo è stato riscontrato anche in una volpe. In daini e cinghiali è presente essenzialmente *Theileria* spp. Il lavoro svolto ha permesso di:

- ottimizzare la PCR, impostando una temperatura di annealing di 63°C al fine di diminuire la presenza di bande aspecifiche dovute a protozoi ruminanti che, specialmente in animali abbattuti, possono contaminare il campione;
- evidenziare come questo tipo di approccio permetta di conoscere meglio, rispetto agli strisci di sangue, la reale circolazione dei piroplasmi negli animali selvatici;
- chiarire, grazie al sequenziamento e all'analisi filogenetica, la grande variabilità di specie circolanti nella popolazione;
- evidenziare la difficoltà di utilizzo della restrizione enzimatica per la tipizzazione dei piroplasmi diffusi negli animali selvatici.

P40. SORVEGLIANZA DELLE MORSICATURE DA CANE NEL DISTRETTO SUD-EST - AMBITO TERRITORIALE DI PORTOMAGGIORE (FE)

Angelo Gardelli (a), Francesca Martelli (b), Fabio Ostanello (b)

(a) *Dipartimento di Sanità Pubblica Veterinaria e Patologia Animale, Università degli Studi, Bologna*

(b) *Azienda USL, Dipartimento di Sanità Pubblica, Area Dipartimentale di Sanità Pubblica Veterinaria, Ferrara*

Le morsicature sono uno dei problemi più frequenti legati alla convivenza uomo-cane e le possibili conseguenze possono essere il trauma fisico e/o psichico, la trasmissione di infezioni o la contaminazione della ferita con microrganismi patogeni. In passato, il fenomeno è stato affrontato in relazione al rischio di trasmissione della rabbia. Attualmente andrebbe invece valutato in funzione dei costi diretti e indiretti a esso connessi e di alcune azioni restrittive riguardanti le razze di cane considerate particolarmente aggressive. Inoltre, l'individuazione dei fattori di rischio può contribuire a definire misure di prevenzione o iniziative legislative con lo scopo di ridurre l'incidenza del fenomeno. Il presente lavoro ha stimato l'incidenza delle lesioni causate dai cani nel territorio del distretto sud-est - Ambito territoriale di Portomaggiore dell'AUSL di Ferrara (Comuni di Argenta, Ostellato, Portomaggiore e Voghiera) e denunciate al Servizio Veterinario (SV) negli anni 2000-2006. Il territorio, prevalentemente rurale, ha una superficie di 651 kmq, una popolazione di 44.700 residenti e una popolazione canina censita di circa 5.500 soggetti. Per ogni caso sono state raccolte informazioni relative a: Comune in cui è avvenuta l'aggressione, data della morsicatura e sesso del morsicato. L'incidenza per sesso è stata standardizzata con metodo indiretto calcolando il tasso standardizzato di morbilità (SMR). 284 casi sono stati denunciati al SV nei 7 anni considerati con un'incidenza media annuale di 87,2 casi/100.000 residenti (IC 95%: 78,6 - 95,9). L'incidenza delle morsicature è costantemente diminuita dal 2000 al 2004, tornando ad aumentare negli anni successivi. Il rischio di morsicature è risultato 1,6 volte più alto nei maschi (IC 95%: 1,4 - 1,8), con una incidenza più elevata nei mesi primaverili-estivi (58,5% dei casi denunciati tra aprile e settembre). L'incidenza stimata è risultata notevolmente superiore a quella riportata da altri studi condotti in Regione Emilia-Romagna che hanno però utilizzato come fonte informativa i dati desunti dai servizi di Pronto Soccorso. Vanno considerati tuttavia i numerosi fattori di confondimento (composizione delle popolazioni umana e canina, numero di cani di proprietà, urbanizzazione dell'area, fonte informativa utilizzata) che possono influenzare sia la rilevazione sia la reale incidenza del fenomeno.

P41. COSTI DI ESTINZIONE DI UN FOCOLAIO DI MALATTIA VESCICOLARE DEL SUINO: L'ESPERIENZA DELLA ASL DI REGGIO EMILIA

Carlo Ghinato, Antonio Cuccurese, Aurelio Aldrovandi
Servizio Veterinario; Azienda Unità Sanitaria Locale, Reggio Emilia

La malattia vescicolare del suino (MVS) rientra nella ex-lista A dell'OIE, che raggruppa le infezioni caratterizzate da un elevato potenziale di diffusione e come tali in grado di turbare in maniera massiccia il commercio internazionale degli animali e dei loro prodotti e di conseguenza anche le economie locali, che sebbene in misura diversa a seconda del tipo di produzione, del livello sanitario, e di altri fattori, alimentano i mercati internazionali. In base a queste considerazioni è quindi imperativo che i focolai di queste malattie siano eliminati nel più breve tempo possibile, per diminuire le probabilità di diffusione ad altri allevamenti e di conseguenza per ridurre al minimo i danni all'economia locale. L'estinzione rapida di un focolaio di malattia altamente diffusiva presenta innegabili vantaggi, ma comporta altresì dei costi, particolarmente elevati nel caso di allevamenti di grandi dimensioni e legati principalmente al costo del personale operante sul focolaio e alle operazioni di smaltimento. Il 22 dicembre 2006 è stata confermata la presenza della MVS in un allevamento suino localizzato nel territorio di competenza della ASL di Reggio Emilia. Al momento della diagnosi definitiva l'allevamento ospitava 2.817 suini da ingrasso, tutti abbattuti il giorno seguente (23 dicembre 2006) nel giro di 12 ore; le relative carcasse sono state smaltite entro la mattina del giorno seguente (24 dicembre 2006). Gli autori descrivono la logistica delle operazioni di abbattimento e della distruzione e smaltimento delle carcasse e del materiale infetto. I costi relativi sono presentati in forma analitica (costo associato a ciascuna operazione e quindi a ciascuna voce: abbattimento, quindi costo unitario abbattitore/ora, ecc.) e riportati quindi al singolo capo suino, in maniera da fornire un potenziale standard di riferimento eventualmente utilizzabile in fase di programmazione sanitaria, in maniera specifica nella pianificazione finanziaria associata ai piani di emergenza.

DIVERSITÀ GENETICA DEL VIRUS DELLA DIARREA VIRALE DEL BOVINO IN ITALIA: IDENTIFICAZIONE DI NUOVI GENOTIPI VIRALI

Monica Giammarioli, Claudia Pellegrini, Francesco Feliziani, Gian Mario De Mia
Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia

La diarrea virale del bovino è una delle malattie economicamente più rilevanti del bovino. L'agente causale è un virus ad RNA (BVDV) appartenente alla famiglia *Flaviviridae*, genere *Pestivirus*. Allo stato attuale, se ne conoscono due specie, il BVDV di tipo 1 (BVDV-1) e il BVDV di tipo 2 (BVDV-2). Il BVDV-1, più diffuso in Europa, è distinto in almeno 11 subgenotipi diversi. Il BVDV-2, più diffuso in nord America, comprende da 2 a 4 subgenotipi. In Italia, studi di genotipizzazione a carico del BVDV sono relativamente recenti e condotti, per lo più, nell'Italia del nord. In particolare, si è potuta dimostrare la circolazione di almeno 5 subgenotipi appartenenti al BVDV-1, rispettivamente identificati come BVDV-1b, BVDV-1d, BVDV-1e, BVDV-1f e BVDV-1h. Anche la circolazione del BVDV-2 è stata evidenziata, sia nel nord (da bovino) che nel sud (da ovino) del Paese. Nel presente studio vengono analizzate le caratteristiche genetiche di 88 *Pestivirus* provenienti da 12 diverse Regioni e pertanto fortemente indicativo della realtà italiana. La maggior parte degli stipiti è di origine bovina ed è stata collezionata nel decennio 1998-2007. La genotipizzazione è stata condotta analizzando la regione 5'-non traslata (5'-NTR) del genoma dei *Pestivirus*. L'RNA è stato estratto mediante Trizol. La sintesi del cDNA è stata effettuata utilizzando dei *random primers*, mentre per la PCR è stata utilizzata la coppia di *primers* V324/V326 che amplifica un frammento di 288 bp. Gli amplificati sono stati purificati e sequenziati mediante il kit *Big Dye Terminator v1.1 Cycle Sequencing*. Le sequenze nucleotidiche, allestite da tre diversi amplificati, sono state allineate mediante il software Clustal X (versione 1.83) con sequenze di stipiti di riferimento presenti in *GeneBank*. L'albero filogenetico è stato costruito utilizzando l'algoritmo *neighbour-joining* con il pacchetto Phylip (versione 3.66). L'elaborazione statistica è stata effettuata mediante l'analisi di *bootstrap* utilizzando il programma *Seqboot*. L'albero filogenetico è stato visualizzato mediante il software Treeview (versione 1.6.6). Sulla base dei risultati ottenuti, 5 isolati sono stati identificati come BVDV-2, distinti in due subgenotipi, BVDV-2a (n=4) e BVDV-2b (n=1); 83 isolati appartengono al BVDV-1 e sono distinti in 7 subgenotipi, rispettivamente BVDV-1a (n=8), BVDV-1b (n=37), BVDV-1d (n=3), BVDV-1e (n=22), BVDV-1f (n=4), BVDV-1g (n=4), BVDV-1h (n=5). I subgenotipi BVDV-1a e BVDV-1g non erano mai stati identificati prima. Tale notevole eterogeneità genetica fa dell'Italia il Paese europeo con il numero più elevato di subgenotipi di BVDV-1 circolanti. Anche la presenza del BVDV-2, seppure sporadica, è stata riconfermata.

P42. RESISTENZA AGLI ANTIMICROBICI IN CEPPI DI *SALMONELLA TYPHIMURIUM* ISOLATI DA INFEZIONI UMANE E DA FONTI ANIMALI NEGLI ANNI 2002-2006

Caterina Graziani (a), Luca Busani (a,b), Antonia Ricci (b), Marzia Mancin (b), Claudia Lucarelli (a), Slawomir Owczarek (a), Alfredo Caprioli (a), Ida Luzzi (a)

(a) *Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

(b) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

Salmonella Typhimurium (STM) è un sierotipo ubiquitario, comunemente isolato dagli animali, dagli alimenti d'origine animale e dall'ambiente. A partire dal 2001, STM è il sierotipo più frequente nelle infezioni umane in Italia e la sua importanza in Sanità Pubblica è aumentata a causa della elevata frequenza di resistenza multipla agli antibiotici. In questo studio sono riportate le frequenze di resistenza in ceppi di STM d'origine umana e animale raccolti dalle reti di sorveglianza Enter-net ed Enter-vet nel periodo 2002-2006. I test di sensibilità agli antibiotici sono stati effettuati presso i laboratori di referenza (Istituto Superiore di Sanità, Roma e Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Padova) usando i metodi standard. Negli isolati umani, la frequenza di multiresistenza (resistenza a 4 o più antibiotici) variava tra il 62,4% nel 2002 e il 71% nel 2006. Negli isolati d'origine animale la frequenza di multiresistenza andava dal 63% nel 2004 al 20,7% nel 2005. L'analisi dei profili di resistenza negli isolati d'origine umana ha mostrato negli ultimi anni un aumento della diffusione di isolati con resistenza ad ampicillina (A), streptomina (S), sulfonamidi (Su), tetraciclina (T), che sono attualmente più frequenti di quelli con il profilo ACSSuT (resistenza aggiuntiva al cloramfenicolo, C), tipicamente associato al fagotipo DT104. Gli isolati con profilo ASSuT risultavano spesso non fago-tipizzabili (NT) e hanno raggiunto nel 2006 una frequenza del 28,8%, rispetto al 21,6% di quelli con profilo ACSSuT. Frequente il riscontro di resistenze aggiuntive a questi profili, in particolare all'acido nalidixico e al trimetoprim/sulfametossazolo. Questi profili con resistenze aggiuntive sono aumentati negli anni, in particolare negli isolati d'origine animale. Sia nei ceppi di origine umana che animale risulta ancora rara la resistenza ai fluorochinoloni e alle cefalosporine di III generazione. In conclusione, i risultati di questo studio confermano che particolari cloni di *S. Typhimurium* presenti nell'uomo e negli animali possono essere caratterizzati da particolari profili di resistenza agli antibiotici. La sorveglianza integrata della resistenza in ambito medico e veterinario può consentire di identificare resistenze e multiresistenze emergenti e fornire indicazioni sulla fonte animale delle salmonellosi umane.

P43. STRUMENTI GEOSTATISTICI OPEN SOURCE PER LA SORVEGLIANZA EPIDEMIOLOGICA VETERINARIA E PER LE EMERGENZE

Monica Lorenzetto (a), Paolo Mulatti (a), Giuseppe Ru (b), Massimo Tranquillo (c), Michele Drigo (d), Stefano Guazzetti (e), Alessandro Mannelli (f), Nicola Ferrè (a)

(a) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Centro di Referenza per le Encefalopatie Animali, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta, Torino*

(c) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Brescia*

(d) *Dipartimento di Sanità Pubblica, Università degli Studi, Padova*

(e) *AUSL, Reggio Emilia*

(f) *Malattie Infettive degli Animali Domestici, Università degli Studi, Torino*

Negli studi epidemiologici risulta particolarmente rilevante la componente spaziale dei dati. La sinergia che deriva dalla combinazione dei Sistemi Informativi Geografici con i test statistici accresce l'opportunità di esplorare le interazioni tra le tre componenti dell'indagine epidemiologica: le entità, il tempo e lo spazio. I risultati, ottenuti attraverso l'applicazione di idonee tecniche di statistica spaziale, consentono di avere utili indicazioni sui possibili fattori di rischio associati agli eventi oggetto di studio nello spazio e nel tempo e, conseguentemente, di valutare le possibili strategie di controllo e prevenzione da adottare. Il progetto si propone di sviluppare una rete di esperti e di utilizzatori di strumenti geostatistici nella sorveglianza epidemiologica e nella gestione di emergenze veterinarie. Come primo passo, è stata realizzata una rassegna bibliografica relativa a test statistici e a metodi di analisi statistica spaziale e spazio-temporale. Per la gestione della bibliografia si utilizza *RefWorks*, un *Bibliographic Manager Online*, che permette di creare e organizzare un archivio personale di record bibliografici. Questo strumento, inoltre, genera automaticamente bibliografie in vari formati e permette di condividere il proprio archivio con gli altri utenti del Sistema Bibliotecario degli Enti di Ricerca Biomedici Italiani (BIBLIOSAN). Successivamente si è tenuto un corso di base sull'utilizzo del software statistico R, al quale hanno partecipato i ricercatori delle unità operative aderenti al progetto, in modo da creare una base comune per lo sviluppo di algoritmi statistici, condividendo gli *script* anche tramite un portale WEB. Ciascuna unità operativa ha quindi scelto un metodo di analisi e l'ha applicato a dati disponibili, predisponendo inoltre una scheda tecnica condivisa, comprendente la bibliografia, la struttura dei dati, i limiti della metodica e le procedure interpretative dei risultati. Un supervisore sovrintende e coordina tutte le operazioni di sviluppo del metodo e garantisce la condivisione e la congruità degli strumenti applicati. Nelle fasi successive è prevista la presentazione alle altre unità operative delle elaborazioni e delle tecniche utilizzate, affinché possano applicarle ad altri *dataset*, testando quindi non solo le potenzialità analitiche, ma anche la qualità delle procedure sviluppate, provvedendo eventualmente alla correzione o al miglioramento sia dello *script* che delle metodiche interpretative. Queste attività rappresentano una prima

occasione di collaborazione tra Istituti Zooprofilattici e Facoltà di Medicina Veterinaria per lo scambio e lo sviluppo di strumenti geostatistici, condivisi secondo la filosofia dell'*open source*, in modo che chiunque possa usare, modificare, migliorare e aggiungere funzionalità ai programmi sviluppati.

P44. UN SISTEMA INFORMATICO DI REGISTRAZIONE AL MACELLO DELLE LESIONI NEI BOVINI

Mario Luini (a), Valentina Benedetti (a), Giuseppe Granata (b), Emanuele Invernizzi (a), Paolo Maistri (d), Marina Perri (b), Marco Rondena (e), Eugenio Scanziani (e), Livio Tessuto (b), Giorgio Zanardi (c)

(a) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Sezione di Lodi, Lodi*

(b) *ASL della Provincia di Lodi*

(c) *Osservatorio Epidemiologico Veterinario Regione Lombardia, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Brescia*

(d) *TIMA Laboratory, Grenoble*

(e) *Dipartimento Patologia Animale Veterinaria, Università degli Studi, Milano*

Delle patologie osservabili al macello viene normalmente tenuta registrazione solo di quelle previste da specifiche pianificazioni o di quelle cui conseguono provvedimenti di legge, mentre una notevole mole di informazioni di interesse per gli allevamenti di origine o per fini epidemiologici va dispersa. Nel corso della ricerca è stato sviluppato e sperimentato un sistema informatico finalizzato alla registrazione delle lesioni osservabili nei bovini durante l'attività ispettiva. È stato realizzato un applicativo per PC palmare (tecnologia *touch screen*), che permette di inserire facilmente in un *data base* Access le lesioni osservabili in catena di macellazione. L'interfaccia grafica prevede scelte multiple con possibilità di 6 opzioni principali ciascuna delle quali genera 6 sottogruppi ("6x6"). In questo modo il sistema consente l'*input* di 36 opzioni di lesione utilizzabili in ciascuna sessione ispettiva. La costruzione del sistema di opzioni di input è personalizzabile in funzione del tipo di indagine che si intende eseguire: diagnostica su singoli capi o di popolazione. Nella nostra ricerca è stata studiata una codifica "6x6" delle lesioni riscontrabili nei seguenti organi: abomaso, fegato, polmoni, mammella, arti. Il dispositivo palmare viene indossato dal Veterinario Ispettore al polso, lasciando libera la mano per le operazioni ispettive. Il software permette poi di scaricare i dati raccolti in un *data base* su una *workstation* centrale e di interfacciarsi con i sistemi di registrazione utilizzati in catena di macellazione, assicurando in tal modo la corrispondenza della lesione e i dati identificativi dell'animale. Nella fase applicativa, eseguita in una catena di macellazione da 100 capi/ora, sono stati ispezionati 994 abomasi in 6 sessioni di lavoro, 1.348 fegati in 8 sessioni di lavoro e 375 polmoni in 2 sessioni di lavoro. Complessivamente sono state registrate 222 lesioni abomasali, 357 lesioni epatiche e 75 lesioni polmonari. In un numero rappresentativo di casi e per ciascun tipo di lesione registrata, sono stati effettuati esami istopatologici finalizzati alla conferma del quadro anatomopatologico osservato. Lo strumento messo a punto ha consentito di registrare un elevato numero di osservazioni su un singolo organo anche in una catena di macellazione molto veloce, senza rallentare l'attività. Il sistema permette di gestire rapidamente e in modo affidabile un elevato numero di informazioni sulle patologie presenti in un'ampia popolazione bovina. I dati raccolti sono immediatamente disponibili per elaborazioni statistiche che possono mettere in evidenza *trend* epidemiologici e patologie emergenti.

P45. PROGETTO PER LA REALIZZAZIONE DI UN SISTEMA INFORMATIVO REGIONALE: CRITERI E AMBITI APPLICATIVI

Grazia Manca (a), Marta Vescovi (a), Laura Bortolotti (a), Manuela Dalla Pozza (a),
Antonia Ricci (a), Stefano Marangon (a), Giovanni Vincenzi (b)

(a) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico
Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Unità di Progetto Sanità Animale e Igiene Alimentare, Regione Veneto, Venezia*

L'attivazione del mercato unico europeo ha comportato una serie di atti normativi che hanno condizionato nel tempo la Veterinaria europea: nato per fini commerciali, in realtà ha dato origine all'attuazione di misure per garantire standard igienico-sanitari comuni. Tale uniformità è da correlarsi alla necessità di garantire la libera movimentazione di animali e di loro prodotti. Ciò ha determinato uno spostamento radicale dell'attenzione sull'intera filiera produttiva e sul suo controllo, con l'esigenza di conoscere la realtà territoriale del mondo produttivo zootecnico, dapprima attraverso l'attivazione di un sistema di identificazione e registrazione delle aziende, quale base di partenza per lo svolgimento delle attività di sorveglianza epidemiologica e di rintracciabilità (Reg. CE 178/02), e infine con la recente normativa comunitaria denominata "pacchetto igiene" (Reg. CE 852/04, 853/04, 854/04, 882/04). In tale contesto è stata attivata presso la Banca Dati Regionale (BDR) del Veneto di cui fanno parte l'anagrafe degli insediamenti produttivi di interesse, l'anagrafe del singolo capo bovino, degli ovi-caprini e dei suini, attiva dal 1998 e istituita ufficialmente con DM 31/01/2002. Il consolidamento della BDR ha consentito l'attivazione in Veneto di uno specifico progetto per la realizzazione di un Sistema informativo unico a livello regionale che consenta la gestione informatizzata di tutte le realtà territoriali di interesse e le attività svolte dai Servizi territoriali. I dati registrati consentono l'elaborazione di informazioni indispensabili per la pianificazione delle attività di sorveglianza epidemiologica, la gestione delle emergenze sanitarie e lo svolgimento delle attività nel campo della sicurezza alimentare. Ciò in relazione a specifici obiettivi:

- creare uno strumento per il Servizio veterinario regionale per il governo degli interventi sul territorio, la pianificazione delle risorse e il monitoraggio dell'efficienza di piani attivati;
- fornire ai Servizi territoriali (Servizio veterinario e Servizio igiene alimenti e nutrizione) un software per la registrazione e definizione di modalità operative uniformi sull'intero territorio regionale;
- predisporre una base dati standardizzata operante sull'intero territorio regionale per la sorveglianza sullo stato sanitario degli animali e sulla sicurezza alimentare;
- agevolare la rendicontazione dell'attività svolta;
- mettere a disposizione i dati per la gestione degli aiuti comunitari nel settore agricolo.

P46. MONITORAGGIO DEI PATOGENI ALIMENTARI NELLE POPOLAZIONI ANIMALI DEL VENETO: RISULTATI DEL PIANO 2005-2006

Marzia Mancin (a), Veronica Cibin (a), Ketj Antonello (a), Paola Zavagnin (a), Claudio Minorello (a), Cristina Saccardin (a), Piero Vio (b)

(a) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Unità di Progetto Sanità Animale e Sicurezza Alimentare, Regione del Veneto, Venezia*

A partire dal 2002 nella Regione Veneto sono stati messi in atto dei piani di monitoraggio per definire la prevalenza di *Salmonella*, *Campylobacter* e la diffusione dell'antibioticoresistenza in *E. coli* ed Enterococchi nelle principali specie animali allevate e macellate a livello regionale. Dopo i primi anni di applicazione, alla luce delle prevalenze ottenute, è stato possibile ridurre progressivamente la numerosità campionaria, garantendo tuttavia una stima precisa delle prevalenze. L'ultima campagna di monitoraggio, realizzata nel periodo settembre 2005-dicembre 2006, ha interessato le seguenti specie animali: bovini, suini, polli e tacchini. La numerosità campionaria, stabilita sulla base di specifici valori di accuratezza, intervallo di confidenza e tenendo conto dei dati di prevalenza raccolti nel triennio precedente di attività, è stata definita in maniera tale da poter evidenziare variazioni di prevalenza nelle popolazioni animali in esame. Nello specifico in avicoli e suini si è scelto di rilevare sia l'incremento che il decremento ($\pm 12\%$) della prevalenza (intervallo bilaterale), mentre per i bovini si è considerato esclusivamente l'aumento ($+4\%$) della prevalenza (intervallo unilaterale). Considerando tali criteri la numerosità campionaria è stata definita in 101 partite di bovini, 214 di pollo, 225 di tacchino e 171 di suini. I campioni sono stati prelevati nei principali macelli regionali; nel caso dei bovini e dei suini, per ciascuna partita analizzata, sono stati prelevati rispettivamente campioni di feci e di linfonodi ileocecali da 15 animali, mentre per gli avicoli sono stati prelevati 40 tamponi cloacali. Complessivamente nella terza campagna di monitoraggio sono state campionate 108 partite di vitelloni e 110 partite di suini, riscontrando una prevalenza di *Salmonella* spp. pari rispettivamente a 5,6% (IC: 2,1-11,7) e a 60,9% (IC: 51,1-70,1). I sierotipi maggiormente rappresentati nei bovini sono risultati *S. Brandenburg* (22,2%) e *S. Typhimurium* (22,2%), mentre nei suini *S. Derby* (20,9%) e *S. Typhimurium* (15,0%). Per quanto riguarda gli avicoli sono state campionate 215 partite di tacchini, nel 27,4% (IC: 21,6-33,9) delle quali è stata isolata *Salmonella* spp., e 211 partite di polli nelle quali è stata riscontrata una prevalenza di *Salmonella* spp. pari a 34,6% (IC: 28,2-41,4). I sierotipi identificati più frequentemente nei tacchini sono *S. Bredeney* (25,7%) e *S. Blockley* (24,3%), mentre nei polli sono *S. Thompson* (15,2%) e *S. Kimuenza* (13,0%). La ricerca di *Campylobacter* è stata condotta nelle partite di vitelloni e negli avicoli, rilevando prevalenze molto alte per tutte le specie. Nello specifico 61,1% (IC: 51,2-70,3), 91,2% (IC: 86,5-94,6) e 84,4% (IC: 78,7-89,0) delle partite di vitelloni, tacchini e polli sono risultate positive per *Campylobacter* spp. L'esperienza condotta nella Regione Veneto ha permesso di mettere a punto nuovi metodi epidemiologici per definire piani di campionamento applicabili in continuo al fine di individuare specifiche situazioni di rischio nelle popolazioni animali testate.

P47. POTENZIALE RUOLO ZONOSICO DEL SUINO QUALE SERBATOIO NATURALE DI *DIENTAMOEBA FRAGILIS*

Elisabetta Manuali (a), Sonia Salamida (a), Silvia Crotti (a), Gigliola Venditti (a), Vincenzo Grelloni (a), Marco Sensi (a), Daniele Crotti (b)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia

(b) Libero Professionista in Parassitologia e Microbiologia Medica, Perugia

Dientamoeba fragilis, protozoo flagellato atipico di recente rivalutazione, è attualmente una delle cause più frequenti di infezione intestinale umana protozoaria (la Dientamoebiasi) soprattutto nei Paesi sviluppati. Nell'uomo la sua presenza nelle feci, talora asintomatica, è più spesso associata a enteriti, acute o protratte, e a disturbi intestinali aspecifici riconducibili alla "sindrome del colon irritabile". Le modalità con le quali il parassita esplica la sua azione patogena sono a oggi sconosciute. Il ciclo completo non è stato ancora chiarito e si conosce infatti solo la fase trofozoitica, mentre non sono state mai individuate forme cistiche. La trasmissione avviene probabilmente per via feco-orale ma, data la sua elevata fragilità nell'ambiente esterno, si stanno accreditando altre ipotesi in merito alla modalità con cui potrebbe propagarsi l'infezione come ad esempio l'ingestione accidentale di uova di parassiti (*Ascaris*, *Enterobius*), in grado di albergare *D. fragilis* e favorirne la resistenza al pH acido gastrico. Non si conosce al momento altro ospite al di fuori dell'uomo, sebbene sia stato ipotizzato potersi transitoriamente reperire anche in altri mammiferi e in particolare nel macaco, nel babbuino e nelle pecore. Per verificare il potenziale ruolo del suino quale serbatoio naturale di *Dientamoeba fragilis* sono stati esaminati 230 soggetti appartenenti a diverse categorie: magroncelli (n. 67; 29,1%), ingrasso (n. 72; 31,3%) e riproduttori (n. 91; 39,6%). Le feci sono state prelevate direttamente dall'ampolla rettale e ogni campione è stato stoccato in tre aliquote: una destinata all'esame microscopico (x100) previa fissazione in metanolo e colorazione con Giemsa al 10%; una seconda aliquota è stata sottoposta a esame parassitologico standard mentre una terza parte è stata congelata per future tipizzazioni biomolecolari. La presenza di *Dientamoeba fragilis* è stata riscontrata in 124 soggetti, pari al 53,9% dei campioni analizzati, da sola od associata ad altri protozoi e/o elminti. La frequenza di reperimento più elevata è stata osservata nei soggetti giovani e in particolare nel 67,2% dei magroncelli e nel 61,1% dei suini all'ingrasso, mentre nelle scrofe è risultata pari al 38,5%. Da questa indagine conoscitiva emerge un interessante dato epidemiologico che mostra una elevata presenza di *Dientamoeba fragilis* nel suino, evidenziando una correlazione statisticamente significativa ($p < 0.005$) in rapporto all'età dei soggetti. Riteniamo assai suggestivo ipotizzare questo animale come un probabile serbatoio di tale protozoo e proporsi come strumento di trasmissione dello stesso all'uomo. Il maiale potrebbe quindi rappresentare un *reservoir* naturale del parassita e "punto critico" per la Dientamoebiasi umana.

LEISHMANIASI CANINA E VETTORI: INDAGINE TRASVERSALE IN UMBRIA

Carmen Maresca (a), Eleonora Scoccia (a), Antonella Catalano (b), Stefania Mancini (b), Tiziana Pagliacci (b), Maurizio Porrini (b), Fulvio Barizzone (c), Gigliola Venditti, Vincenzo Grelloni (a)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia

(b) Servizio Veterinario ASL2, Perugia

(c) European Food Safety Authority, Parma

La leishmaniosi viscerale cutanea, zoonosi riemergente, è una malattia parassitaria endemica nel bacino del mediterraneo. In Umbria non vi sono né dati recenti né dati omogenei relativi alla presenza dei vettori e alla diffusione della malattia nel cane, *reservoir* della forma viscerale. Questo studio ha avuto lo scopo di determinare la prevalenza sierologia per leishmania nella popolazione canina dell'ASL2 dell'Umbria, valutare l'associazione dell'infezione con possibili fattori di rischio ed evidenziare la presenza dei vettori nel territorio stesso. L'indagine trasversale ha coinvolto 100 cani (LC 95%, prevalenza ipotizzata 50%, precisione 10%) di età superiore ai due anni, residenti nel territorio dell'ASL 2 Umbria, estratti casualmente dall'anagrafe canina della Regione Umbria e stratificati per la popolazione canina dei quattro distretti in cui la ASL è suddivisa. Al momento del prelievo di sangue, tramite un'intervista ai proprietari, sono stati raccolti i dati relativi all'età, sesso, genere, distretto di origine, habitat, abitudini di vita e pratiche sanitarie dell'animale. Sono stati considerati positivi i cani che hanno presentato un titolo anticorpale $\geq 1:80$ svelato tramite la prova di immunofluorescenza indiretta. I flebotomi sono stati catturati per mezzo di 5 *Blacklight traps* (OVI) e suddivisi per specie, sesso e luogo di cattura. Lo studio, iniziato a maggio 2005, si è concluso ad agosto 2006. La prevalenza sierologica è risultata dell'8% (IC 95%: 4-15). L'analisi univariata dei dati ha rilevato un'associazione statisticamente significativa tra la sieroprevalenza e l'area (distretto di Castiglione del Lago) in cui vivevano gli animali ($p=0,03$). Anche l'età (oltre i 10 anni) è risultata associata con la prevalenza dell'infezione ($p=0,03$). Il modello finale dell'analisi multivariata evidenzia le stesse associazioni dell'analisi univariata (OR area=2,8, limiti inferiore e superiore 95%: 1,2-6,7, $p=0,01$; OR età=1,3 limiti inferiore e superiore 95%: 1,03-1,8, $p=0,02$). Nessuno degli animali positivi risultava essersi mai spostato fuori dalla Regione. Sono stati catturati n. 5.698 flebotomi (su un totale di 41.808 insetti), e la loro distribuzione è risultata estremamente disomogenea nei siti monitorati (numero flebotomi comune di Collazione=16; Castiglione del Lago=5.329; Perugia 1=168; Perugia 2=185; comune di Bettona=0). Le specie identificate sono state *P. perniciosus* e *P. perfiliewi* considerate i principali vettori della leishmaniasi viscerale in Italia. La presenza contemporanea di vettori e di animali infetti, che non si sono mai spostati fuori Regione, rivela la possibilità dell'esistenza in Umbria di un'infezione autoctona in grado di trasmettersi potenzialmente agli animali e all'uomo.

P48. VALUTAZIONE DEGLI OVINI QUALI SENTINELLE DI AREE GEOGRAFICHE A RISCHIO DI ENCEFALITE DA ZECHE (TBE)

Elena Mazzolini (a), Daniele Tosone (a), Maria Grazia Ciufolini (b), Cristiano Fiorentini (b), Giulietta Venturi (b), Ferruccio Castellani (c), Lara Clapiz (a), Andrea Passera (a), Maurizio Ruscio (d)

(a) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Udine*

(b) *Dipartimento di Malattie Infettive, Parassitarie e Immunomediate, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

(c) *Azienda Sanitaria 3 Alto Friuli, Tolmezzo, Udine*

(d) *Azienda Sanitaria 4 Medio Friuli, Centro di Riferimento per la malattia di Lyme Ospedale di San Daniele, Udine*

Dal 2003 in Friuli Venezia Giulia sono stati segnalati 47 casi clinici umani e un decesso in seguito a encefalite da zecche, 43 casi si riferiscono a infezioni acquisite localmente. Generalmente i foci di zecche infette sono identificati tracciando i casi umani, sia clinici che le siero-conversioni; questo metodo, tuttavia, perde efficacia con il progredire dell'epidemia, alla quale consegue, di norma, l'adozione di misure di prevenzione (protezione e vaccinazione) che ne riducono la sensibilità. In questa situazione è necessario adottare un sistema di sorveglianza della malattia capace di individuare nuovi foci e di monitorare i limiti geografici di quelli conosciuti, per attivare od aggiornare le misure di gestione del rischio e nel contempo evitare, in aree indenni, allarmismi inutili quanto dannosi per l'economia locale. I ruminanti selvatici possono costituire delle valide sentinelle per individuare e monitorare i foci infetti perché hanno un *home-range* definito e limitato, ma i campioni biologici raccolti da queste specie non sono sempre di buona qualità e i test di conferma sono generalmente poco robusti. Gli ovini sono ottimi candidati quali sentinelle di infezione perché se ne conosce l'area di pascolo, sono accessibili per la raccolta dei campioni biologici e inoltre hanno una discreta rimonta annuale che garantisce l'apporto di animali non infetti nel gregge permettendo di individuare i casi incidenti. L'indagine sierologia su animali sentinella richiede una valutazione preliminare del sistema di misurazione mediante la validazione del test impiegato nella specie studiata. È altrettanto importante conoscere le caratteristiche fisiologiche della risposta immunitaria degli animali utilizzati per distinguere i casi incidenti da quelli prevalenti. Il lavoro presentato affronta queste problematiche descrivendo una prova di validazione di un'ELISA competitiva commerciale per la ricerca di anticorpi *anti-tick borne encephalitis virus* (TBEV) in sieri di ovino e uno studio longitudinale di persistenza degli anticorpi specifici anti-TBEV in pecore naturalmente infette. In sieri di pecora l'ELISA competitiva EIA TBEV Ig (test *Line Ltd - Clinical Diagnostics*) presenta una sensibilità del 100% e una specificità del 94,6% quando confrontato con l'inibizione dell'emoagglutinazione e utilizzando il *cut-off* suggerito dalla ditta produttrice. In pecore naturalmente infette si rinvennero ancora anticorpi specifici dopo un periodo stimato dai 7 ai 20 mesi dalla presunta infezione. Applicato ai sieri di ovini residenti nella Regione Friuli, l'ELISA individua chiaramente i

foci infetti già conosciuti quando viene utilizzato un *cut-off* che favorisce il valore predittivo positivo, segnala inoltre altre zone a rischio qualora si utilizzi una soglia di lettura che privilegia la sensibilità.

P49. CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE E DISTRIBUZIONE GEOGRAFICA DI CEPPI DI *M. BOVIS* ISOLATI NEL CENTRO ITALIA

Piera Mazzone (a), Silvia Crotti (a), Gianni Perugini (a), Massimo Bugatti (a), Marcella Ciullo (a), Laura Faccenda (a), Silva Costarelli (a), Chiara Bartolini (a), Anna Duranti (a), Monica Cagiola (a) Maria Lodovica Pacciarini (b)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia

(b) Centro di Referenza Nazionale per la Tuberculosis Bovina da *M. Bovis*, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Brescia

Il *Mycobacterium bovis* è l'agente causale della tubercolosi bovina (TB), malattia che costituisce ancora un serio problema sia per le implicazioni di carattere sanitario sia per le importanti ripercussioni economiche che comporta. L'adozione di un approccio integrato, che combini l'epidemiologia con la biologia molecolare, permette di supportare i Piani di eradicazione e controllo, di comprendere le origini e le modalità di trasmissione della TB e di attivare misure di controllo da adattare alle diverse realtà territoriali. L'Istituto Zooprofilattico Umbria e Marche, per meglio definire l'epidemiologia della TB e nell'ottica di fornire elementi utili per il raggiungimento della qualifica europea nel territorio di competenza, dal 2002 ha effettuato, in collaborazione con il Centro Nazionale di Referenza, la genotipizzazione dei ceppi di *M. bovis* isolati nei focolai di TB delle due Regioni. Contestualmente, in seguito al riscontro di alcune positività per *M. bovis* nei cinghiali, si è indagato sulla diffusione del *M. bovis* nelle popolazioni selvatiche presenti nelle due Regioni; tale attività ha permesso di genotipizzare anche i ceppi di *M. bovis* isolati nei cinghiali. Le tecniche di tipizzazione molecolare adottate sono state lo *Spoligotyping* e l'analisi dei loci ETRs (*Exact Tandem Repeats*). Lo *Spoligotyping* è un saggio basato sul polimorfismo del locus DR (*short repetitive direct repeats*) presente nel genoma dei Micobatteri appartenenti al *Mycobacterium tuberculosis complex* e quindi anche a *M. bovis*. La tipizzazione ETRs si basa sulla presenza di 5 loci (ETR da A a E) ognuno dei quali contiene un'unica sequenza ripetuta a tandem, la cui dimensione varia da 53 bp a 79 bp. Ogni ceppo di *M. bovis* è caratterizzato da un numero variabile di sequenze ripetute. I 51 ceppi di *M. bovis* tipizzati (40 isolati nei focolai bovini delle due Regioni e 11 isolati nei cinghiali delle Marche) sono stati differenziati in 5 spoligotipi, comprendenti *M. bovis* BCG-like, diffuso in Umbria e Marche e *M. caprae*, presente solo in Umbria. I 5 spoligotipi sono stati ulteriormente differenziati con il saggio ETRs in 16 sottogruppi (10 localizzati in Umbria e 6 nelle Marche). Dei ceppi circolanti nel territorio marchigiano, il ceppo "*Mycobacterium bovis* BCG-like VNTR 33432" isolato dai bovini è stato rinvenuto anche in 9 cinghiali provenienti dalla stessa località. Per la nostra esperienza lo *Spoligotyping* si è rilevata una tecnica scarsamente discriminante quando in una Regione predominano gli stessi spoligotipi ed è stato quindi determinante affiancare l'analisi dei loci ETRs per svelare interessanti omologie tra i ceppi circolanti.

P50. ANALISI EPIDEMIOLOGICA-MOLECOLARE DEI VIRUS INFLUENZALI H5N1 ISOLATI IN AFRICA NEL PERIODO 2006-2007

Isabella Monne (a), Alice Fusaro (a), Mona Mehrez Aly (b), Paola De Benedictis (a), Emmanuel Couacy-Hymann (c), Tony Manuel Joannis (d), Hiver Boussini (e), Steven L. Salzberg (f), Ilaria Capua (a), Giovanni Cattoli (a)

(a) *OIE, FAO and National Reference Laboratory for Avian Influenza and Newcastle Disease, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(b) *Central Laboratory for Quality Control on Poultry Production, Animal Health Research Institute, Dokki, Giza, Egypt*

(c) *Central Laboratory of Animal Pathology, Bingerville, Ivory Coast*

(d) *Viral Research Department, National Veterinary Research Institute, Vom. Plateau State 5, Nigeria*

(e) *Virology Department, Laboratoire National d'Elevage, Center for Bioinformatics and Computational Biology, Ouagadougou 03, Burkina Faso*

(f) *Institute for Advanced Computer Studies, College Park, University of Maryland, MD, USA*

Dopo la sua prima comparsa nel gennaio del 2006 in Nigeria, il virus H5N1 ad alta patogenicità si è rapidamente diffuso nel continente Africano coinvolgendo nei mesi successivi altri paesi quali Burkina Faso, Camerun, Gibuti, Egitto, Costa D'Avorio, Niger, Nigeria, Sudan e Ghana. La diffusione del virus influenzale aviario non ha provocato solo incalcolabili danni all'economia di questi paesi ma è stato più volte responsabile di casi di infezione anche nell'uomo. a oggi (22 Giugno 2007) i casi umani di influenza aviaria da H5N1 nel continente Africano sono 38 di cui 16 fatali. Il quadro che si sta delineando in Africa preoccupa la comunità scientifica e sottolinea la necessità di fornire una costante assistenza diagnostica ai paesi che stanno fronteggiando l'incursione del virus H5N1. Nell'ultimo anno, il Laboratorio di Referenza OIE/FAO per l'influenza aviaria ha ricevuto e analizzato oltre 1000 campioni di origine aviaria provenienti da 14 Stati Africani, confermando la presenza dell'infezione da A/H5N1 in 7 degli Stati assistiti. Al fine di studiare l'eventuale evoluzione del virus, l'intero genoma di alcuni isolati rappresentativi è stato sequenziato e analizzato filogeneticamente. All'analisi filogenetica, tutti gli isolati Africani analizzati dimostrano una stretta correlazione con i ceppi circolanti dalla fine del 2005 in Europa, Russia e Medio Oriente mentre sono scarsamente correlati alle sequenze dei ceppi isolati nel sud-est Asiatico. Come già osservato in precedenti pubblicazioni i ceppi Africani ricadono in 2 principali raggruppamenti distinti, rappresentativi di 2 possibili distinte introduzioni del virus nel continente. Tra i ceppi africani analizzati, la più alta omologia è stata riscontrata tra le sequenze degli isolati provenienti dallo stesso paese o da paesi confinanti. Solo le sequenze dei ceppi influenzali isolati in Nigeria si sono distribuite in 2 gruppi distinti e alcuni ceppi riassortanti sono stati riconosciuti tra i virus provenienti da questo paese. L'analisi della sequenza aminoacidica dedotta ha inoltre rivelato, in alcuni isolati, mutazioni correlate a un maggiore adattamento del virus aviario all'ospite

mammifero. In nessun ceppo fino a ora analizzato sono state osservate mutazioni determinanti una resistenza del virus ai comuni antivirali. L'insieme dei dati che emergono dal presente lavoro dimostra l'importanza dell'attività di sorveglianza e monitoraggio delle epidemie da virus influenzali al fine di comprenderne l'evoluzione e contenerne l'impatto sulla salute pubblica. Perché questi obiettivi vengano raggiunti nel più breve tempo possibile, sarà necessario uno sforzo internazionale e multidisciplinare nel sostegno ai paesi africani.

P51. VERSO LA MAPPATURA DEI VETTORI NEL TRIVENETO: LE ZECCHE

Fabrizio Montarsi (a), Giulia Maioli (a), Rudi Cassini (b), Patrizia Danesi (a), Raffaella Corrain (c), Elena Mazzolini (a), Nicola Benini (d), Gioia Capelli (a)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

(b) Dipartimento di Scienze Sperimentali Veterinarie, Università degli Studi, Padova

(c) Dipartimento di Sanità Pubblica, Patologia Comparata e Igiene Veterinaria, Università degli Studi, Padova

(d) A-ULSS 20, Verona

Le malattie trasmesse da zecche sono sempre più diffuse in Europa e anche in Italia. Il controllo di queste patologie non può prescindere dalla conoscenza dell'epidemiologia delle zecche nel territorio. In questa ottica è attivo dal 2005 un progetto (IZS, Università e A-ULSS) che mira a valutare presenza e densità degli Ixodidi nel nord-est e il tasso di infezione nelle zecche di alcuni agenti zoonosici. Nel presente lavoro riportiamo i risultati sulla distribuzione, densità, dinamica stagionale delle zecche e l'influenza di variabili climatiche. In aree collinari-montuose delle province di Udine, Pordenone, Vicenza, Treviso, Verona e Padova, sono stati monitorati siti mobili (campionati almeno una volta) per stabilire la distribuzione spaziale, e siti fissi (campionati mensilmente) per definire la dinamica stagionale. Per ogni sito sono stati rilevati parametri ambientali (temperatura, umidità, vegetazione, ecc.). Da giugno 2005 a maggio 2007 sono stati monitorati 53 siti, 4 fissi e 49 mobili, con 115 campionamenti. Sono state trovate zecche in 45 siti (85%). In totale sono state identificati 3.189 *Ixodes ricinus*, 1.740 larve (54%), 1.336 ninfe (42,5%) e 113 adulti (3,5%). I siti fissi hanno mostrato densità variabili: la provincia di UD ha mostrato la densità più alta, seguita da PN e TV. Per quanto riguarda l'andamento stagionale, in provincia di UD, le ninfe e gli adulti hanno presentato un picco in maggio, mentre le larve erano più abbondanti in agosto e settembre. In provincia di PN si è avuto un andamento simile, ma con le larve più numerose in aprile. In provincia di VR le ninfe hanno mostrato un picco in maggio, mentre le larve sono state abbondanti anche nei mesi estivi. In provincia di VI le ninfe hanno avuto una densità più stabile, in parte dovuta a un minor numero di esemplari raccolti. Una prima analisi statistica sull'influenza delle variabili ambientali sulla densità delle zecche, ha messo in evidenza come l'abbondanza delle ninfe sia associata positivamente alla lunghezza del giorno e negativamente alla temperatura e all'altezza maggiore di 750 mslm; l'abbondanza delle larve è invece associata positivamente alla lunghezza del giorno e all'umidità relativa e negativamente all'altezza maggiore di 750 mslm e al prato come tipo di vegetazione. I risultati mostrano un'ampia distribuzione di *Ixodes ricinus* oltre che nelle zone dove è nota da tempo la presenza di zecche, anche in aree poco studiate delle province venete.

UN MODELLO DI TOSSINFEZIONE DA SALMONELLA

Giuseppe Noce (a), Roberto Berchi (b)

(a) Servizio Salute, PF Veterinaria e Sicurezza Alimentare, Regione Marche, Ancona

(b) Dipartimento di Statistica, Probabilità e Statistiche Applicate, Università degli Studi La Sapienza, Roma

L'analisi del rischio sta sempre più diventando una pietra miliare per l'approccio ai problemi sanitari presenti e futuri ed è lo strumento indispensabile per la programmazione sanitaria e per la definizione delle misure sanitarie necessarie per l'identificazione, gestione dei rischi sanitari. Come strumento di supporto per le decisioni, la *System Dynamics* (SD) è una metodologia che permette di simulare sistemi dinamici complessi mediante cicli di causa-effetto utilizzando procedure e strumenti informatizzati che consentono la rappresentazione della realtà utilizzando indifferentemente i dati della bibliografie e quelli desunti dalle attività anche routinari eseguite dai servizi di sanità pubblica. Si è simulato l'evoluzione dinamica di una tossinfezione conseguente a un pranzo mediante lo sviluppo di un modello di SD. Il modello tiene conto di tutte le fasi significative dell'infezione: nel cibo prima della cottura, dopo la cottura e nell'organismo. Il risultato finale consiste nella determinazione della probabilità che le *Salmonelle* sono in grado di indurre la malattia nei partecipanti al pranzo. Il modello realizzato tiene conto quindi dell'evoluzione nel tempo dell'infezione e quindi può essere utile per testare possibili azioni in grado di ridurre il rischio di tossinfezioni da *Salmonella*.

P52. SORVEGLIANZA DELLE MALATTIE: SISTEMA DI ALLERTA SUL WEB

Giuseppe Noce, Guglielmo D'Aurizio, Antonella Capozucca,
Servizio Salute, PF Veterinaria e Sicurezza Alimentare Regione Marche, Ancona

Il raggiungimento di un elevato livello di protezione della salute umana e della salute degli animali richiede anche l'attivazione di un sistema che consenta in maniera rapida di adottare provvedimenti in seguito al riscontro di prodotti alimentari o di mangimi non idonei. In seguito al progressivo trasferimento delle competenze dall'Autorità Nazionale a quelle Regionali, la Regione Marche, sulla base delle linee guida della Conferenza Permanente per i Rapporti tra lo Stato le Regioni e le Provincie Autonome, ha elaborato un sistema di allerta per alimenti e per mangimi basato su un applicativo Web integrato nel Sistema Informativo Veterinaria-Alimenti (SIVA), utilizzato anche per la raccolta dei dati e delle informazioni relativi all'anagrafi animali, alle imprese alimentari e mangimistiche presenti nel territorio regionali nonché per la rendicontazione delle attività inerenti la sicurezza alimentare. L'applicazione realizzata dalla Regione Marche consente l'inserimento delle informazioni relative all'allerta, in maniera uniforme e conforme con le indicazioni della Conferenza, direttamente sul web e l'invio di un messaggio di posta elettronica a tutti coloro che sono coinvolti. Questo sistema permette anche la raccolta delle informazioni relative alle singole allerte per le successive analisi a supporto delle decisioni.

P53. FONTI DI CONTAMINAZIONE E TRACCIABILITÀ DI SALMONELLA SPP IN MACELLI SUINI

Francesca Piras, Maria Maddalena Colleo, Graziano Masia, Antonio Tola, Domenico Meloni, Anna Mureddu, Rina Mazzette

Dipartimento di Biologia Animale, Sezione Ispezione Alimenti di OA, Università degli Studi, Sassari

L'individuazione delle fonti di ingresso di *Salmonella* spp in macello e delle modalità di contaminazione, diretta e indiretta, delle carcasse possono contribuire a ridurre la presenza nelle carni suine (EFSA, 2006). La caratterizzazione dei ceppi isolati può inoltre fornire elementi utili alla tracciabilità del patogeno nella filiera suina. La presente indagine è stata eseguita in suini macellati presso 4 stabilimenti (a, b, c, d) situati in Sardegna. Sono stati prelevati campioni di: 1) feci: contenuto cecale; 2) superficie delle carcasse: mediante *sponge*, prima del raffreddamento, sui seguenti siti: a) parte superiore della faccia interna di entrambe le cosce; b) addome, in corrispondenza dell'area di incisione; 3) fegato: mediante *sponge* su entrambe le facce; 4) linfonodi mesenterici craniali. In due stabilimenti sono stati inoltre prelevati campioni di: 1) acqua di scottatura; 2) superfici a contatto con le carcasse: mediante *sponge* su spazzole di depilazione, coltelli, sega spaccamezzene; 3) superfici non a contatto: mediante *sponge* su canalette di scolo e pareti della zona sporca. La ricerca di *Salmonella* spp è stata effettuata con metodica ISO 6579/2002 modificata (EFSA, 2006), l'identificazione fenotipica mediante sistema ID32E e la sierotipizzazione presso il Centro nazionale di Referenza per le Salmonellosi (Padova). In totale sono stati esaminati 218 campioni (da 52 suini macellati e 10 ambientali). *Salmonella* spp. è stata isolata in 37 campioni (16%), dei quali 32 provenienti dai soggetti e 5 dagli ambienti. Tra i primi è stata isolata, in ordine di prevalenza, in linfonodi (36,5%), feci (13,5%), fegato (7,7%) e carcasse (5,8%). La prevalenza maggiore ($p < .01$) è stata riscontrata nel macello d. Il sierotipo prevalente è risultato *S. Derby* (66,6%), seguito da *S. Livingstone* (13,9%), *S. Typhimurium* (11,1%), *S. Infantis*, *S. Newport* e *S. Bredeney* (8,3%). *S. Derby* è stata isolata in tutte le matrici e in soggetti sia di provenienza locale che comunitaria (Olanda). *S. typhimurium* era presente in feci, fegato e linfonodi di suini di provenienza comunitaria (Olanda, Francia e Spagna) e in un campione ambientale (canaletta). Complessivamente n. 20 (38%) soggetti sono risultati portatori di *Salmonella* spp nei linfonodi o nelle feci, ma solo in n. 3 tra questi il patogeno (*S. Derby*) è stato isolato anche dalla superficie delle carcasse. Le superfici non a contatto sono risultate più contaminate (75%) rispetto a quelle a contatto (25%). *S. Derby* è stata isolata anche nell'acqua di scottatura del macello d. *S. Derby* si conferma tra le specie di più frequente riscontro nel suino.

P54. STUDY DESIGN AND APPLICATION OF A PARATUBERCULOSIS ASSURANCE PROGRAM IN BROWN BREEDERS HERDS IN THE ITALIAN CENTRAL ALPS

Nicola Pozzato (a), Marcella Paoli (b), Elisabetta Stefani (a), Luca Busani (c,e), Giovanni Farina (b), Claudio Valorz (d), Gaddo Vicenzoni (a)

(a) *Struttura Complessa Territoriale, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Verona*

(b) *Struttura Complessa Territoriale Trentino, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Trento*

(c) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(d) *Federazione Provinciale Allevatori, Trento*

(e) *Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

Health status in regard to Johne's disease is a major concern in the selection of bull calves to be used at semen collection centers. This has been emphasized by the EFSA (2004), which recommended that only *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) negative cows from herds with low prevalence (<5%) should provide calves for reproduction. A program based on annual MAP screening and differential intervention strategies, depending on the seroprevalence detected was developed by the Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (IZSve) in 2005. Twenty-three dairy cattle herds (average no. heads = 77; min = 33, max = 173) located in Trentino region, Italy, that regularly provide bull calves to the same reproduction center were enrolled. All the cows older than 24 months were annually subjected to the Elisa Pourquier® screening test. Confirmation of positive or doubtful results was carried out by fecal culture and IS900 PCR tests. In 2005, 15 herds resulted negative, 5 had only a few seropositive results that were not confirmed by PCR or fecal culture, and 3 were infected with seroprevalence of 2.1%, 5.1% and 6.4% respectively. Clinical cases were described only in the two latter farms. Based on these results, three mid-term (five-year) programs were developed in order to certify herd health status, eliminate the disease in low-prevalence herds, and reduce the seroprevalence in highly infected herds to under 5%. In 2006, six previously negative herds tested positive by ELISA assay with the detection of Singleton reactors in all cases but one in which the infection was confirmed by fecal culture. On the basis of the results of the screening program, the local dairy producers' association and the IZSve organized meetings to inform the farmers and the practitioners of the risk factors behind the spread of paratuberculosis and the control measures to be taken in infected herds. A more-detailed evaluation of the risk of disease introduction in negative herds and the biocontainment measures implemented in infected premises was performed by "in farm" inspections and a questionnaire-based survey. The questionnaire used was derived from one developed by the National Johne's Working Group, US. The farmers were asked to provide information

on the management of each production phase, restocking rates, production, and the movement of animals. On the basis of the health status and information collected by the inspection and the survey, a set of biosecurity and biocontainment measures tailored to individual farms was agreed between farmers and veterinarians.

P55. OSSERVAZIONI SULLA DIFFUSIONE AMBIENTALE DI *CHEYLETIELLA BLAKEI*, SVELATA ATTRAVERSO L'EDPA, IN ALCUNE ABITAZIONI UMBRE

Mario Principato (a), Annabella Moretti (a), Iolanda Moretta (a), Vincenzo Girelloni (b), Gigliola Venditti (b), Paolo Masini (c)

(a) *Facoltà di Medicina Veterinaria, Sezione di Parassitologia, Università degli Studi, Perugia*

(b) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia*

(c) *Medico Veterinario, Perugia*

È noto come l'EDPA (Esame Diretto delle Polveri Ambientali), basato sul rilievo di specifiche tracce lasciate da artropodi patogeni per l'uomo nelle abitazioni, sia in grado di svelare la presenza ambientale di acari del genere *Cheyletiella* e risulti particolarmente utile, sotto il profilo diagnostico, quando insorgono episodi di dermatopatia da puntura di incerta origine. Certamente *Cheyletiella* non può considerarsi come un acaro ambientale a vita libera, in quanto è strettamente parassita del gatto e specie-specifico, però è anche vero che qualora si distacchi dall'animale, spontaneamente o per grattamento, può sopravvivere nell'ambiente per 10 giorni. Durante i primissimi giorni di tale periodo questo acaro è in grado di attaccare l'uomo che, in assenza del felino, viene considerato come un ospite di sostituzione. Ciò accade quando *Cheyletiella* si trova su letti, poltrone o divani, in coperte o lenzuola, luoghi dove il gatto domestico spesso riposa. Le nostre osservazioni si riferiscono a n.160 rilievi ambientali di *C. Blakei* compiuti attraverso l'EDPA tra il 1997 e il 2005. I periodi di diffusione di questo acaro corrispondevano sempre all'insorgenza di dermatopatie umane, talora anche gravi: tra settembre e ottobre si inizia a rilevare la presenza di *Cheyletiella* nelle abitazioni (5%) in cui vengono lamentate patologie di tipo dermatologico. Alcuni episodi si rilevano in misura crescente tra ottobre e dicembre (25%). Da gennaio fino a marzo-aprile si registra il maggior numero di episodi di cheyletiellosi umana (70%), sempre accompagnati dal rilievo ambientale di adulti di questo acaro e spesso anche di uova, larve e ninfe. Ciò indica che tali stadi evolutivi sono stati distaccati dall'animale per grattamento. Le lesioni riscontrate, sempre multiple e mai sporadiche, erano generalmente localizzate a tronco e braccia; particolarmente intense nelle aree strette dalle parti elastiche di indumenti. Esse apparivano come piccole vescicole traslucide circondate da un alone eritematoso. Tali lesioni, fortemente pruriginose, inducevano i soggetti colpiti al grattamento e ciò determinava la rottura della vescicola, con formazione di una evidente lesione crostosa. Non tutti i soggetti presenti nell'abitazione infestata venivano aggrediti dall'acaro: le persone anziane, con scarsa sudorazione o che utilizzavano profumi forti e persistenti venivano attaccati di meno. Le persone più colpite erano accomunate dall'aver una cute molto delicata e umida. Seppure il contatto diretto con l'animale deve considerarsi la principale fonte di infestazione per l'uomo, riteniamo che il contatto con gli oggetti sui quali l'animale riposa frequentemente sia certamente all'origine di molte delle dermatopatie da noi riscontrate.

P56. RILIEVI EPIDEMIOLOGICI SULLA DIFFUSIONE, IN UMBRIA, DI ALCUNI IXODOIDEA DI INTERESSE SANITARIO IN AMBIENTI DOMESTICI

Mario Principato (a), Annabella Moretti (a), Iolanda Moretta (a), Vincenzo Girelloni (b), Gigliola Venditti (b), Paolo Masini (c), Sara Zampetti (c)

(a) *Facoltà di Medicina Veterinaria, Sezione di Parassitologia, Università degli Studi, Perugia*

(b) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia*

(c) *Medico Veterinario, Perugia*

La superfamiglia Ixodoidea comprende le famiglie *Argasidae* e *Ixodidae* di cui alcune specie rivestono un particolare interesse sanitario sia per i patogeni che sono in grado di trasmettere, sia per le lesioni cutanee di tipo strofuloide che determinano nell'uomo attraverso la loro puntura. Tra queste specie rivestono grande importanza quelle che frequentemente ricorrono all'interno delle abitazioni, o perché vengono trasportate dagli animali domestici, o perché riescono a penetrare direttamente attraverso porte e finestre attratte alla CO₂ emessa dall'uomo durante la respirazione. Nella presente nota riportiamo i risultati di nove anni di raccolta di artropodi in abitazioni nelle quali venivano lamentate punture sporadiche o multiple a tronco e arti. La metodica utilizzata per svelare le tracce di Ixodoidea è stata quella dell'EDPA (Esame Diretto delle Polveri Ambientali), che ci ha permesso sia di rilevare la presenza dei suddetti artropodi, sia di intervenire all'interno con un trattamento mirato e risolutivo di disinfestazione. I dati raccolti indicano la presenza ricorrente di due zecche: *Argas reflexus* (72%) e *Rhipicephalus sanguineus* (21%). Più sporadiche *Ixodes ricinus* (4%), *Ornithodoros coniceps* (2%) e *Dermacentor marginatus* (1%). Interessante ci è sembrato il periodo di diffusione dei suddetti artropodi nelle abitazioni e gli stadi evolutivi rinvenuti: *A. reflexus* da marzo-aprile a dicembre con un picco elevato in novembre, fino a metà dicembre e poi, nuovamente, in aprile; proprio in novembre-dicembre si osservano gli stadi larvali di questo acaro introdotti direttamente dai piccioni all'interno delle abitazioni, al contrario degli stadi di ninfa e adulto che penetrano invece attivamente, senza bisogno di un ospite foretico. *R. sanguineus*, che può considerarsi la più comune zecca dei cani in estate, determina lesioni e invade le abitazioni da febbraio-marzo a ottobre, con due picchi elevati in marzo-aprile e settembre-ottobre. In tali periodi è frequente il rilievo anche di larve e ninfe. *I. ricinus* è, invece, diffuso in novembre-dicembre, mentre *O. coniceps*, più rara, si rinviene nello stesso periodo ma difficilmente determina lesioni. *D. marginatus* si osserva in marzo-aprile e settembre-ottobre, ma il suo rilievo si correla quasi sempre alla presenza di ovini pascolanti in zone limitrofe. Relativamente alle lesioni che questi acari determinano bisogna dire che sono quasi sempre localizzate al tronco e alle gambe, sporadiche in genere per tutte le specie tranne che per *A. reflexus* quando si trova allo stadio larvale. In questo caso sono frequenti lesioni multiple seguite da interessamento sistemico con linfadenite e ipertermia che può raggiungere i 39°C.

P57. INFLUENZA DELLA COMPOSIZIONE DELLE POPOLAZIONI FAUNISTICHE SULLA TRASMISSIONE DELLA *BORRELIA BURGDORFERI SENSU LATO*

Charlotte Ragagli (b), Giuseppina Amore (a), Laura Tomassone (a), Luigi Bertolotti (a), Donal Bisanzio (a) Patrizia Nebbia (a), Alessandro Mannelli (a)

(a) *Dipartimento di Produzioni Animali Epidemiologia Ecologia, Università degli Studi, Torino*

(b) *Ufficio Territoriale per la Biodiversità, Corpo Forestale dello Stato, Lucca*

La borreliosi di *Lyme* è una zoonosi causata da spirochete appartenenti al complesso *Borrelia burgdorferi sensu lato*, mantenute in cicli di trasmissione che coinvolgono la zecca *Ixodes ricinus* come vettore e diverse specie di animali selvatici come serbatoi. L'infezione prevede un certo grado di specificità tra specie ospite e diverse genospecie di *B. burgdorferi* s.l.. Quindi, variazioni della composizione delle popolazioni di vertebrati possono influenzare la frequenza relativa delle genospecie. L'obiettivo del nostro studio è quello di valutare l'effetto delle fluttuazioni delle popolazioni dei roditori selvatici e il loro rapporto con quelle dei rettili sulla trasmissione delle spirochete. In un'area collinare della Toscana, nel 2004, *B. lusitaniae* è risultata dominante nelle zecche in cerca di ospite, mentre *B. afzelii* era molto rara. Nel 2005 *B. lusitaniae* è stata identificata in *I. ricinus* e tessuti da lucertole *Podarcis muralis*., mentre *B. afzelii* non è stata messa in evidenza nei roditori serbatoi competenti (*Apodemus* spp.). L'abbondanza di *Podarcis* spp. potrebbe essere alla base della dominanza di *B. lusitaniae* e limitare la trasmissione di *B. afzelii*. Nel 2006 le catture dei roditori sono state eseguite in diversi tipi di habitat. Il successo di cattura è stato significativamente superiore in bosco termofilo rispetto a bosco mesofilo ($P < 0.01$), mentre i livelli d'infestazione da *I. ricinus* erano simili nei due habitat. Solo nelle zecche raccolte da micromammiferi nel bosco termofilo è stata messa in evidenza *B. afzelii* (larve: 5,4%, IC 95%: 1,8-12,1; ninfe: 100%, IC 95%: 0,3-100). Il *Minimum Nuber Alive* dei roditori nel bosco termofilo è risultato maggiore rispetto a quello mesofilo. Questi risultati suggeriscono che fluttuazioni della popolazione di roditori nel tempo e nello spazio possono determinare la trasmissione e il mantenimento delle genospecie di *B. burgdorferi* s.l. ($R_0 > 1$). È in fase di sviluppo un modello di simulazione per stimare l'effetto dell'abbondanza di roditori e lucertole su R_0 delle diverse genospecie di *B. burgdorferi* s.l..

P58. FECALIZZAZIONE CANINA NELL'AREA URBANA DI MESSINA E POTENZIALI RISCHI ZOOTICI

Anna Lia Risitano, Salvatore Giannetto, Maria Ferlazzo, Gabriella Gaglio, Emanuele Brianti
Dipartimento di Sanità Pubblica Veterinaria, Università degli Studi, Messina

Questo lavoro ha avuto lo scopo di studiare il fenomeno della fecalizzazione canina in un'area di Messina e analizzare i potenziali rischi zoonotici di origine parassitaria derivanti da tale contaminazione. Tutte le vie ricadenti in un'area di 3,2 km² del centro cittadino sono state monitorate al fine di definire la presenza e la quantità di escrementi di origine canina. Le vie indagate sono state classificate sia mediante criteri qualitativi (presenza/assenza di deiezioni), che quantitativi (numero di feci/mt lineare). Inoltre, al fine di definire il potenziale ruolo zoonotico, su ciascuna via contaminata è stato condotto un campionamento di tipo sistematico (1 campione ogni 3 deiezioni) e la stima percentuale delle deiezioni calpestate. I campioni raccolti sono stati trasportati in laboratorio e processati con le comuni tecniche parassitologiche per la ricerca di parassiti. In totale sono state monitorate 245 vie per una lunghezza complessiva di 79 km, di queste, 140 (57,1%) sono risultate contaminate da deiezioni canine con una media di feci/mt pari a 0,01 (0,01-0,06). La contaminazione era diffusa in tutta l'area di studio, anche se alcune vie o quartieri erano più intensamente interessati. La presenza di parassiti è stata rinvenuta in 35 (11,5%) dei 302 campioni fecali raccolti e il 12,2% delle vie esaminate è risultato contaminato da feci recanti uova o cisti di parassiti a potenziale zoonotico. La percentuale media di feci calpestate era del 15,2%, anche se in alcune vie tale percentuale ha raggiunto il 100%. L'infestazione elmintica più frequente e diffusa è stata quella sostenuta da *Toxocara canis* (3,6%), mentre tra i protozoi, il genere *Giardia* è stato rinvenuto nel 6,3% dei campioni. La nostra indagine ha evidenziato che la contaminazione da feci canine è un problema che interessa in maniera uniforme e intensa tutta l'area esaminata. Questo, oltre a costituire un problema di decoro urbano rappresenta un evidente fastidio per i cittadini e una potenziale fonte di trasmissione di zoonosi di origine parassitaria. Tra le specie parassitarie rinvenute, degna di nota è la presenza di *Giardia* sp. (6,3%) non segnalata in precedenti indagini similari. Infine, i dati ottenuti nel nostro studio sono stati rappresentati in ambiente GIS allo scopo di condurre un'analisi geografica dei risultati per l'individuazione dei siti più idonei alla collocazione degli appositi raccoglitori e alle campagne di educazione e sensibilizzazione dei proprietari di cani.

P59. PREVALENZA DI *HELICOBACTER PULLORUM* E *H. CANADENSIS* IN VOLATILI DOMESTICI, SINANTROPI E SELVATICI IN PIEMONTE

Patrizia Robino (a), Clara Tramuta (a), Mauro Giammarino (b), Gabriella Vaschetti (b), Monica Rodo (a), Patrizia Nebbia (a)

(a) *Dipartimento Produzioni Animali, Epidemiologia ed Ecologia, FMV, Università degli Studi, Torino*

(b) *Centro Cicogne e Anatidi, Racconigi, Cuneo*

Helicobacter pullorum, responsabile di lesioni infiammatorie, gastroenteriti e setticemia nell'uomo, viene isolato frequentemente dal contenuto cecale e carcasse di volatili al macello, sollevando la questione di un possibile rischio zoonotico. *H. canadensis*, specie filogeneticamente molto affine, è stato descritto solo in oche selvatiche e più recentemente nel suino. Il nostro scopo è stato ricercare *H. pullorum* e *H. canadensis* in volatili allevati sia in modo intensivo che rurale, nonché in uccelli sinantropi, sempre più numerosi nelle aree urbane e rurali, e in uccelli selvatici, allo scopo di comprendere l'importanza di diverse specie di volatili quali reservoir per gli *Helicobacter* enterici. È stata utilizzata una metodica biomolecolare (PCR-REA) in grado di ricercare *Helicobacter* direttamente da tessuto animale su un totale di 240 volatili dislocati nel territorio piemontese, in provincia di Cuneo. *H. pullorum* è stato identificato mediante una PCR basata su 16S rRNA e gli amplificati sono stati digeriti con un enzima di restrizione per distinguere *H. pullorum* da *H. canadensis*. Abbiamo identificato *H. pullorum* nel 62,1% del pollame ad allevamento intensivo, nel 18,0% del pollame ad allevamento rurale, mentre gli uccelli selvatici e sinantropi sono risultati negativi. *H. canadensis* è stato riscontrato in faraone di provenienza francese e in un allevamento rurale di fagiani; si tratta della prima identificazione di *H. canadensis* in volatili da allevamento. Dal nostro lavoro emerge che l'infezione è diffusa nelle specie aviarie allevate, con una prevalenza significativamente più elevata nell'allevamento di tipo intensivo ($P < 0,01$). Gli uccelli sinantropi e selvatici, riconosciuti come importanti vettori di trasmissione di agenti zoonotici, al momento non sembrano rivestire alcun ruolo nel mantenimento dell'infezione.

P60. FOCOLAI DI *BLUE TONGUE*: OSSERVAZIONI SULLE TIPOLOGIE DI SUOLI, NUMEROSITÀ DEGLI INSETTI VETTORI E DANNI CORRELATI

Sandro Rolesu (a), Daniela Aloï (a), Edoardo Marongiu (a), Pierpaola Piras (a), Cristiana Patta (a), Pierangela Cabras (a), Giuseppe Satta (a), Francesco Fois (a), Salvatore Farina (c), Fausto Pani (d), Anna Rita Ecça (b), Walter Seu (b), Federica Usai (b), Fabio Solinas (b), Carlo Contini (b), Costantino Palmas (a)

(a) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sardegna, Sassari*

(b) *Dipartimento Scienze Applicate ai Biosistemi, Sezione Parassitologia, Università degli Studi, Cagliari*

(c) *Servizio Prevenzione, Assessorato alla Sanità, Regione Autonoma della Sardegna, Cagliari*

(d) *Geostudi snc, Cagliari*

In Sudafrica esistono zone di quarantena per i cavalli al fine di poterli movimentare verso paesi esteri senza esportare la *African Horse Sickness* (Peste Equina), patologia che prevede lo stesso vettore della febbre catarrale degli ovini. Tali zone sono caratterizzate da abbondanza di terreni prevalentemente salmastri. Questo dato, nonché le osservazioni raccolte in Sardegna durante le diverse ondate epidemiche susseguitesi nel periodo 2000-2007, che hanno fatto rilevare come alcuni allevamenti di specifici territori (penisola del Sinis, Giara di Gesturi, ecc.) mostravano una morbilità - mortalità estremamente ridotta rispetto agli allevamenti circostanti - se non addirittura rappresentano una sorta di enclave circoscritta -, hanno suggerito di effettuare specifici sopralluoghi finalizzati alla valutazione geologica dei suoli. È stata anche valutata la compatibilità di questi territori con l'habitat ideale per l'insetto vettore e contemporaneamente con gli altri fattori di rischio noti, correlati allo sviluppo di *Culicoides imicola* e, di conseguenza, all'ingresso del virus e al possibile sviluppo di focolai di *Blue Tongue*. Dalla verifica dei suoli e dalla sovrapposizione delle mappe della mortalità osservata nel corso della prima epidemia di *Blue Tongue* (2000-2001), si è rilevato che il danno osservato nei focolai non era distribuito omogeneamente nel territorio. Al fine di validare il presupposto scientifico citato in premessa (terreni salmastri), si è verificato puntualmente quanto accaduto durante la prima epidemia in alcuni comuni della Sardegna, per i quali si era in possesso della georeferenziazione degli allevamenti sede di focolaio, verificando il tipo di suolo nel quale tali allevamenti insistevano. Dall'analisi dei dati è emerso che esistono forti correlazioni tra la tipologia di pH del suolo, unito alla granulometria e al drenaggio dello stesso. I tipi di suolo sono individuabili in Acidi o sub acidi (AC) e Neutri, Subalcalini o Alcalini (AK). Si sono individuate in funzione del tipo di suolo due categorie di allevamenti sede di focolaio ed è stata verificata la differenza esistente tra le somme dei danni totali osservate negli allevamenti appartenenti ai due gruppi (AC vs AK), che si è mostrata statisticamente significativa. Questo dato di estremo interesse pare confermare l'assunto teorico basato sulla ipotesi che certi terreni sono meno favorevoli allo sviluppo di *C. imicola*, con una forte

correlazione con il pH del terreno stesso. L'applicazione pratica di tale osservazione è quella che si sta cercando di attuare in Sardegna ovvero quella di "alcalinizzare" i siti considerati di massimo rischio per la riproduzione dell'insetto vettore situati in prossimità di allevamenti ovcapri, attraverso l'utilizzo di alcune sostanze (es. latte di calce), in quantità e modalità valutate in funzione della tipologia di suolo e della relativa permeabilità dello stesso. Viene descritta l'esperienza in un sito pilota e i risultati preliminari ottenuti.

Parte del lavoro è stato effettuato all'interno del Progetto di Ricerca Corrente, IZSSA-06-2004 "Produzioni zooteniche biologiche: studio, sperimentazione e applicazione di strumenti per la georeferenziazione e la certificazione territoriale di distretti biologici".

BLUE TONGUE IN SARDEGNA: 5 ANNI DI SORVEGLIANZA ENTOMOLOGICA

Sandro Rolesu (a), Daniela Aloï (a), Francesco Fois (a), Pierpaola Piras (a), Luigi Vento (a)
Giuseppe Satta (a), Salvatore Farina (b)

(a) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sardegna, Sassari*

(b) *Servizio della Prevenzione, Assessorato alla Sanità Regione Autonoma della Sardegna, Cagliari*

La sorveglianza entomologica nei confronti della *Blue Tongue* in Sardegna, di cui all'OM 5 maggio 2001 oltreché un adempimento previsto dalle norme, rappresenta un particolare fondamentale dell'insieme volto a definire l'effettivo quadro epidemiologico della malattia. Per l'espletamento delle attività connesse alla sorveglianza entomologica sono state individuate e rese operative sette stazioni fisse (*Black-Light traps Onderstepoort Institute* © South Africa) localizzate, in collaborazione con il Centro Studi Malattie Esotiche (CESME), presso aziende zootecniche nelle quali, rispetto ad analoghe del territorio circostante, sono stati rilevati incrementi nelle popolazioni d'insetti vettori della Febbre catarrale degli ovini (*Culicoides imicola*, *Culicoides* spp.). Nel corso degli anni, e sulla base della necessità di individuare territori epidemiologicamente rilevanti con un livello di definizione più accurato, si è deciso di aumentare il numero di stazioni fisse da sette a ventitre, utilizzando il criterio del Piano Nazionale di Sorveglianza Entomologica. Di queste, sono state selezionate le 13 nelle quali il Piano di sorveglianza è stato effettuato ininterrottamente dal 2002 al 2006, secondo le cadenze settimanali previste, consentendo di seguire nel tempo l'evoluzione delle catture degli insetti vettori in diverse zone dell'isola. Le analisi delle catture (identificazione, separazione e conteggio degli insetti catturati) sono state effettuate secondo una procedura standard, messa a punto nel Settore Entomologico del Laboratorio di Protozoologia dell'IZS Sardegna. Tale procedura è costantemente validata a cura del CESME, presso il quale è stato formato il personale incaricato. Su un totale di 2613 catture effettuate, i valori medi del rapporto *C. imicola/Culicoides* spp. (Ci/Cs), del n. di *Culicoides* spp. (Cs) e del n. di *C. imicola* (Ci) osservati nelle catture delle 13 trappole fisse considerate, sono risultati differenti in funzione dell'anno. Il 2003 è l'anno nel quale si è osservato il valore medio più elevato sia del rapporto (Ci/Cs) pari a 26,88, che del numero di (Cs) pari a 925,03. Il 2006 è stato, invece, l'anno con valori medi del numero di *C. imicola* più elevati (465,16). Nel periodo considerato si è potuto osservare la costante correlazione tra i dati della sorveglianza entomologica e i dati delle sier conversionsi e/o delle manifestazioni cliniche. La differenza delle medie osservate negli anni considerati è stata statisticamente significativa (Valore di $p < 0.05$). Tra i molteplici fattori che possono influenzare la circolazione vettoriale si è presa in considerazione la tipologia dell'uso del suolo che caratterizza l'area circostante le varie stazioni, al fine di valutare le eventuali differenze in termini di contesti ambientali, considerando un'area di 3 km di raggio attorno a ciascuna trappola fissa.

WEST NILE DISEASE: STUDIO TRASVERSALE NEI CAVALLI DEL PADULE DI FUCECCHIO E VALUTAZIONE RETROSPETTIVA PER COORTE DI NASCITA NEL PERIODO 1999-2006

Marcello Sala (a), Maria Teresa Scicluna (a), Giuseppe Manna (a), Cristiano Cocumelli (a), Francesca Susini (b), Alberto Santini (c), Roberto Ricchi (b), Marco Selmi (d), Antonio Battisti (a), Paolo Cordioli (e), Gian Luca Autorino (a)

(a) *Centro di Referenza per le Malattie degli Equini, Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lazio e Toscana, Roma*

(b) *Azienda USL 3, Pistoia*

(c) *Azienda USL 11, Empoli*

(d) *Azienda USL 2, Lucca*

(e) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Brescia*

Dall'epidemia da virus *West Nile* negli equidi in Toscana nel 1998 (Padule di Fucecchio), non sono stati a oggi accertati altri casi clinici in Italia. Nel corso dell'arruolamento dei cavalli ai fini del Piano Nazionale di Sorveglianza 2005 (PNS), 9/105 animali sieronegativi nel 2003 (8,6%; 3,2-13,9%, 95% IC), erano risultati sieropositivi (ELISA e Sieroneutralizzazione), facendo ipotizzare una circolazione virale successiva all'evento epidemico. Gli obiettivi sono: 1) valutare la presenza di cavalli sieropositivi e stimarne la prevalenza per coorte di nascita per verificare la circolazione virale successiva al 1998; 2) monitorare nel 2006 eventuali sieroconversioni nel corso della stagione a rischio, integrando le attività del PNS. Nel 2006 è stato selezionato, mediante campionamento casuale semplice, un campione di 357 cavalli di tutte le età, residenti stabilmente e mai risultati sieropositivi precedentemente, da sottoporre a singolo controllo sierologico (N= 2200; Prevalenza attesa 20%; ES 5%; LC 99%). È stata verificata l'associazione tra status sierologico e coorte di nascita, utilizzata come *proxy* dell'esposizione (presenza nell'area al momento del focolaio del 1998). Dal campione complessivo sono stati selezionati 90 cavalli sieronegativi da sottoporre ogni 20 giorni a monitoraggio sierologico nel periodo luglio-novembre 2006. Come test di laboratorio è stato impiegato un *in house* ELISA di tipo competitivo. Nel 2006, il 5,5% dei 335 capi inclusi nell'analisi (94% del campione atteso) è risultato positivo. Il 13,7% (14/102) dei cavalli già presenti nell'area nel 1998 è risultato positivo contro l'1,3% (3/233) dei soggetti nati negli anni successivi. I cavalli sieropositivi hanno mostrato una probabilità circa 12 volte maggiore di appartenere alle coorti di nascita precedenti o contemporanea al focolaio epidemico rispetto ai nati successivamente (OR 11,8; IC 95%: 3,4-43,5). Nel 2006 non sono state rilevate sieroconversioni nei 90 cavalli sentinella. Conclusioni: La sieropositività dei cavalli è in gran parte associata alla loro presenza nell'area al momento del focolaio epidemico del 1998. Il virus *West Nile*, tuttavia, potrebbe aver circolato sporadicamente nel Padule del Fucecchio anche successivamente, pur tenendo in considerazione la possibilità di falsi positivi. L'assenza di sieroconversioni nel campione di equidi sentinella nel 2006 indica che, qualora si fossero verificati nuovi casi di infezione, questi non abbiano ecceduto

il 2,5% di incidenza cumulativa (LC 95%). Pertanto, i risultati indicherebbero una possibile circolazione virale tra il 1999 e il 2005, tuttavia sporadica e riferibile a introduzioni stagionali e occasionali del virus.

P61. EPIDEMIA DI INFLUENZA AVIARIA NELLA REGIONE VENETO: ANALISI DEI COSTI DEGLI INTERVENTI DI CONTROLLO

Sabrina Sartore (a), Giovanna Ciaravino (a), Mattia Cecchinato (b), Michele Brichese (c), Laura Favero (c), Giovanni Ortali (d), Lebana Bonfanti (a), Stefano Marangon (a)

(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova

(b) UP Sanità Animale e Igiene Alimentare, Regione Veneto, Venezia

(c) Dipartimento di Sanità Pubblica, Patologia Comparata e Igiene Veterinaria, Università degli Studi, Padova

(d) Gruppo Veronesi, S. Martino Buon Albergo, Verona

Le epidemie di influenza aviaria, oltre a rappresentare un grave problema di carattere sanitario, hanno causato ingenti danni economici a tutto il settore avicolo, compromettendo l'economia di interi comparti produttivi. Inoltre, il pagamento dei danni diretti, che è a carico della sanità pubblica, ha pesato in modo rilevante sui bilanci dello Stato. Dal 1997 al 2005 l'Italia è stata interessata da continue epidemie di influenza aviaria ad alta (HPAI) e bassa (LPAI) patogenicità. Durante l'epidemia HPAI del 1999-2000 si sono verificati 413 focolai, per la maggior parte localizzati nelle aree a elevata densità zootecnica di Veneto e Lombardia. L'elevata mortalità e gli abbattimenti dei gruppi di volatili infetti e sospetti infetti, hanno portato all'eliminazione di 16 milioni di animali, determinando una notevole perdita economica (più di 111 milioni di euro di danni diretti, circa 500 milioni considerando anche i danni indiretti). Dopo l'epidemia HPAI, varie ondate epidemiche di LPAI si sono verificate a partire dal 2000 fino al 2005. Per contenere la diffusione dell'infezione ed eradicare la malattia, sono state adottate misure di controllo (abbattimento dei gruppi infetti, macellazione controllata, misure di restrizione) e prevenzione (blocco accasamenti, misure di biosicurezza). Inoltre, a partire da metà novembre del 2000, è stato attuato un programma di vaccinazione di emergenza (PVE), approvato dalla Commissione Europea (Decisione 2000/721/CE), per le specie avicole considerate maggiormente a rischio e localizzate nelle aree densamente popolate di Veneto e Lombardia. Due campagne vaccinali, la prima dal 2000 al 2002 e la seconda dal 2002 al 2006 (Decisione 2002/975/CE), hanno permesso di contenere l'infezione (l'ultima epidemia verificatasi nella primavera del 2005 in provincia di Brescia ha visto coinvolti solo 15 allevamenti). Nel presente lavoro vengono analizzati i costi sostenuti per l'estinzione dei focolai (158 aziende coinvolte e danni diretti per più di 54 milioni di euro), i danni indiretti a essa collegati e i costi relativi alla campagna di vaccinazione, nella Regione Veneto dal 1999 al 2006 (fine del PVE). L'analisi economica effettuata, considerando gli indennizzi per la distruzione di animali, uova, mangimi e altre spese connesse, riferiti all'epidemia HPAI, ha evidenziato che i costi a carico del sistema sanitario nazionale (L. 218/88), sono sensibilmente più onerosi rispetto a quelli sostenuti per attuare il programma di vaccinazione 2002/06, che ha interessato 513 aziende nell'area a maggior rischio di infezione e a più alta densità di popolazione avicola (DPPA) a livello nazionale.

LA SORVEGLIANZA DELLA SCRAPIE IN ITALIA: TARGET GENETICO D'OSPITE E CEPPI DI AGENTE

Francesca Scolamacchia (a), Romolo Nonno (a), Gabriele Vaccari (a), Elena Esposito (a), Barbara Chiappini (a), Michela Conte (a), Luisella Morelli (a), Paola Fazzi (a), Consiglia Parisi (a), Giuseppe Ru (b), Umberto Agrimi (a), Gaia Scavia (a)

(a) *Dipartimento di Sanità Alimentare ed Animale, Istituto Superiore Sanità, Roma*

(b) *Centro di Referenza per le Encefalopatie Animali, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta, Torino*

La scrapie degli ovi-caprini è una Encefalopatia Spongiforme Trasmissibile (EST). La caratteristica principale di tali malattie neurodegenerative è rappresentata dall'accumulo a livello del sistema nervoso centrale (SNC) dell'isoforma patologica della proteina prionica cellulare (PrP). La suscettibilità alla scrapie è influenzata da alcuni polimorfismi del gene della PrP dell'ospite e in particolare da quelli ai codoni 136 (A/V), 154 (R/H) e 171 (Q/R/H). Inoltre la manifestazione clinica della malattia dipende dal ceppo di prione coinvolto. Il Nor98 rappresenta il prototipo dei ceppi atipici, differendo dal ceppo di scrapie classica per caratteristiche immunobiochimiche e istopatologiche. Obiettivo del presente lavoro è descrivere, attraverso dati di sorveglianza, la genetica della PrP dei casi di scrapie classica e Nor98, nei focolai individuati in Italia nel periodo compreso tra luglio 2004 e giugno 2007. Dei 173 focolai registrati, 137 erano attribuibili a scrapie classica (163 casi *index* e 391 casi secondari) e 36 a Nor98 (38 *index* e 3 secondari). In tre focolai sono stati riscontrati siacasi di scrapie classica che di Nor98. In un solo soggetto è stata riscontrata la coinfezione. Negli ovini con scrapie classica il genotipo ARQ/ARQ risultava il più frequente (484 soggetti), seguito da ARQ/AHQ (49), ARQ/VRQ (6), ARR/ARQ (3), AHQ/AHQ (1), ARR/ARR (1) e ARQ/ARH (1). Dunque, il 99,6% dei soggetti era portatore dell'allele ancestrale ARQ, il 9,2% dell'allele AHQ e lo 0,73% dell'ARR. Tra gli altri polimorfismi, la mutazione più frequente era al codone 141 (L/F) e interessava il 5,7% dei soggetti portatori dell'allele ancestrale. Per contro, nei casi Nor98 il 73,2% era portatore dell'allele ARQ mentre il 19,5% e il 53,7% erano rispettivamente portatori degli alleli AHQ e ARR. I genotipi riscontrati erano ARQ/ARQ (14), ARQ/ARR (11), ARR/ARR (7), ARQ/AHQ (5), ARR/AHQ (3) e ARR/ARH (1). Tra i soggetti con genotipo ARQ/ARQ e ARQ/ARR la quasi totalità (23/25) era portatore della mutazione L/F 141 che interessava complessivamente il 76,7% del totale dei soggetti portatori dell'allele ARQ. Inoltre, tra i soggetti non portatori di tale mutazione, quasi la metà (44,4%) era portatore dell'allele AHQ. In conclusione, i dati analizzati evidenziano notevoli differenze tra scrapie classica e Nor98 relativamente al *target* genetico d'ospite. Nella scrapie classica risulta evidente la suscettibilità associata all'allele *wild type* ARQ e il ruolo protettivo svolto dall'allele ARR. Per contro la mutazione L/F 141 o la presenza dell'allele AHQ, che caratterizzano la maggior parte dei soggetti (75,6%) infetti con Nor98, suggeriscono un ruolo centrale di tali polimorfismi nell'insorgenza della malattia, mentre non emerge l'effetto protettivo dell'allele ARR.

P62. ISOLAMENTO DI CEPPI RESISTENTI DI SALMONELLA CON FENOTIPO ESBL IN ALLEVAMENTI DI POLLI DA INGRASSO

Monica Staffolani (a), Maria Beatrice Valli (a), Gianluca Striano (a), Alessia Franco (b), Sarah Lovari, (b) Stefano Fisichella (a)

(a) Centro di Riferimento Enteropatogeni Regione Marche, Istituto Zooprofilattico Sperimentale Umbria e Marche, Macerata

(b) Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lazio e Toscana, Roma

Tra le β -lattamasi, quelle ad ampio spettro definite con la sigla ESBL (*Extended Spectrum β -Lactamases*), rivestono un ruolo di primaria importanza in campo medico poiché sono responsabili di epidemie nosocomiali causate prevalentemente da Enterobatteriacee resistenti alle cefalosporine di terza generazione, che rappresentano i farmaci di scelta per la cura delle infezioni sistemiche. In ambito veterinario, tra i ceppi di *Salmonella* spp., il rinvenimento del fenotipo ESBL non è frequente e la resistenza alle cefalosporine di terza generazione risulta estremamente bassa sia a livello nazionale che europeo. Nel presente lavoro è descritto il riscontro, nel biennio 2005-2006, di sei ceppi di *Salmonella* multiresistenti con tipico fenotipo ESBL. Cinque di questi, appartenenti probabilmente allo stesso *cluster* e identificati come *S. Livingstone*, sono stati isolati nel mese di febbraio 2005 in seguito agli accertamenti diagnostici volti a indagare sulle cause di un calo dell'indice di conversione in un allevamento avicolo della provincia di Macerata e attribuito poi all'infezione concomitante da *S. Enteritidis*. Tutti i ceppi hanno mostrato resistenza *in vitro* a 7 antibiotici (Ampicillina, Streptomina, Sulfonamidi, Acido Nalidixico, Gentamicina, Cefazolina, Sulfisoxazolo). Il secondo isolamento è stato ottenuto nel settembre 2006 nel corso dello studio sulla prevalenza di *Salmonella* spp. in allevamenti di *broiler* (Reg CE n° 2160/2003). Da uno solo dei cinque campioni di sovrascarpe prelevati presso un allevamento della provincia di Macerata, è stato isolato un ceppo di *Salmonella* 4,5,12:i:-, resistente a 9 antibiotici (Ampicillina, Streptomina, Sulfonamidi, Tetraciclina, Amoxicillina-Acido Clavulanico, Cefotaxime, Ceftazidime, Cefazolina, Sulfisoxazolo). Gli isolati resistenti sono stati inviati al Centro di Referenza Nazionale per l'Antibioticoresistenza, per la conferma del fenotipo di resistenza e la caratterizzazione genotipica. La valutazione della sensibilità agli antibiotici (test di *screening* e conferma fenotipica) è stata ottenuta secondo raccomandazioni del *Clinical and Laboratory Standard Institute* CLSI (ex NCCLS), gli isolati risultati resistenti ai beta-lattamici sono stati sottoposti allo *screening* molecolare per evidenziare quali tra le classi di geni blaSHV, blaCTX-M, blaTEM fossero responsabili delle resistenze. Gli isolati di *S. Livingstone* sono risultati positivi per SHV, mentre l'isolato di *Salmonella* 4,5,12:i:- è risultato positivo per TEM e per la classe di determinanti di resistenza blaAmpC, in particolare CMY-2. Il presente studio conferma l'importanza del ruolo svolto dai laboratori di primo e secondo livello della rete degli IZZSS, strumenti essenziali per fornire sensibilità e specificità adeguata al Sistema di Sorveglianza delle antibioticoresistenze nel settore veterinario, che è parte integrante della Sorveglianza che opera a favore delle azioni di Sanità Pubblica.

LA SORVEGLIANZA DEL CONTENUTO IN CELLULE SOMATICHE NEL LATTE BOVINO. UNA PROPOSTA OPERATIVA

Marco Tamba (a), Giorgio Galletti (a), Norma Arrigoni (a), Elio Licata (b), Lucia Nocera (b)
*(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Sezione
di Bologna, Bologna*
(b) Servizio Veterinario e Igiene degli Alimenti, Regione Emilia-Romagna, Bologna

Il Regolamento CE 853/2004 prevede criteri di conformità per il latte crudo di vacca relativamente al tenore in cellule somatiche anche per la produzione di prodotti lattiero-caseari. La conformità del tenore in cellule somatiche del latte deve essere valutata attraverso il calcolo della media geometrica di almeno tre prelievi effettuati nell'arco di tre mesi; tale valore deve risultare uguale o inferiore a 400.000 cellule per ml. Un piano di sorveglianza ufficiale su questo parametro in grandi popolazioni richiede un impegno notevole di risorse a meno che non vengano definiti criteri per uno screening che permetta di ridurre il numero di aziende su cui intervenire. Un metodo potrebbe essere quello di sottoporre tutte le aziende a un controllo singolo e poi procedere al calcolo della media geometrica attraverso prelievi successivi solamente per le aziende con un tenore in cellule superiore a un valore soglia. A tale scopo in Emilia-Romagna è stata effettuata un'indagine che ha coinvolto 232 aziende sulle oltre 4.000 aziende bovine che producono latte destinato alla caseificazione. In queste aziende è stato eseguito un prelievo ufficiale di latte e, dopo che un ring test ha permesso di valutare la validità dei risultati forniti dai laboratori utilizzati per l'autocontrollo, sono stati raccolti i valori delle medie geometriche relative al medesimo periodo. L'indagine è stata svolta nei mesi di ottobre-dicembre 2006. La percentuale di aziende risultate con tenore in cellule >400.000 al prelievo singolo è risultata pari al 27,1%, mentre quella delle stesse aziende con media geometrica superiore allo stesso valore del 26,3%. Nonostante i due valori non siano significativamente differenti, solamente 40 delle 63 aziende risultate "positive" al prelievo singolo avevano il latte non conforme (media geometrica >400.000 cellule/ml). Alla soglia di 400.000 cellule/ml era infatti abbinata una sensibilità (Se) del 65,6% e una specificità (Sp) del 86,6%. Si è pertanto stimato che utilizzando tale soglia si sarebbe dovuto intervenire, per calcolare la media geometrica, su oltre il 27% (1.086) delle aziende della Regione. Per rendere più efficiente e mirato l'intervento si è quindi proceduto al calcolo della curva ROC abbinando al relativo valore di Se e Sp anche il valore predittivo positivo (VPP). Nel calcolo del VPP è stata utilizzata la prevalenza risultante dalla media geometrica. Attraverso tale calcolo è stata definita una soglia di intervento pari a 530.000 cellule/ml. A tale valore infatti corrisponde una Se del 44,3% e una Sp del 97,1%, ma un VPP pari al 84,4%. Utilizzando tale soglia si prevede di dover intervenire nel 14% (552) delle aziende poste sotto sorveglianza, l'84,4% (466) delle quali con il latte non conforme. L'indagine ha inoltre dimostrato che il prelievo singolo permette comunque di stimare la prevalenza di aziende con latte non conforme per il tenore in cellule somatiche.

P63. STUDIO DI INCIDENZA IN UN'AREA COINVOLTA DALLA CIRCOLAZIONE VIRALE DEL CEPPO VACCINALE DI TIPO 2 DELLA *BLUE TONGUE*

Marco Tamba, Gianluca Rugna, Giorgio Galletti, Roberto Leonelli, Andrea Luppi, Giovanni Vecchi

Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Sezione di Bologna, Bologna

Dal 2004 l'area appenninica della provincia di Forlì-Cesena è interessata da un fenomeno di diffusione autonoma del ceppo vaccinale del virus della *Blue Tongue*, sierotipo 2 (BTVV-2). Da allora in quest'area sono stati attuati una serie di piani di monitoraggio entomologici e sierologici per seguire l'evoluzione del fenomeno. Per tale studio è stato anche predisposto uno specifico Sistema Informativo Geografico (GIS). Questo sistema ha evidenziato una notevole intensità del grado di diffusione del virus nel territorio di alcuni comuni appenninici (Verghereto, Sarsina, Sogliano al Rubicone, Bagno di Romagna e Mercato Saraceno). Al termine dell'estate 2004, periodo di riattivazione della circolazione virale, in quest'area la percentuale di sieropositività negli allevamenti è infatti passata dal 15,3% al 70,1% e nei capi dal 2,5% al 20,9%. Il monitoraggio effettuato nell'autunno-inverno 2005/06 nei medesimi comuni ha evidenziato prevalenze simili (57,6% negli allevamenti e 16,9% nei capi), lasciando supporre che durante l'estate 2005 la diffusione del virus vaccinale sia rallentata. Nel presente lavoro, condotto nell'autunno-inverno 2006/07, vengono esposti i risultati di uno studio sull'incidenza della trasmissione del ceppo vaccinale durante l'estate del 2006, allo scopo di integrare i dati già in possesso sull'andamento del fenomeno e per averne un quadro epidemiologico più ampio e completo. A tale scopo è stato selezionato un campione di 150 aziende appartenenti all'area interessata; il campione comprendeva tutte le aziende sieropositive al virus BTVV-2 (96 aziende) e una frazione estratta casualmente delle aziende sieronegative (54 aziende). Queste aziende sono state esaminate in coincidenza dei prelievi effettuati in esecuzione del Piano di eradicazione della Brucellosi Bovina, provvedendo ad aliquotare i sieri dei soli capi risultati negativi al monitoraggio per la *Blue Tongue* condotti negli anni precedenti. Le analisi sono state condotte con metodica cELISA per la ricerca di anticorpi nei confronti del BTV, presso i laboratori di Virologia e Sierologia Specializzata dell'IZSLER, e i sieri positivi sono stati inviati presso il Centro di Referenza di Teramo (CESME) per la conferma e la determinazione del sierotipo coinvolto. Sono stati complessivamente esaminati 1.287 capi bovini appartenenti a 120 diverse aziende (79 già positive e 41 negative). Le sieropositività, tutte confermate dal CESME come positività per il sierotipo 2, hanno riguardato 4 capi di 4 diverse aziende (3 già positive e 1 negativa). Durante la stagione epidemica 2006 l'incidenza stimata è quindi risultata pari a 0,3%. Ciò lascia supporre che la circolazione del BTVV-2 stia rallentando e che, in assenza di campagne di vaccinazione di massa con vaccino vivo, possa in un prossimo futuro cessare.

P64. SORVEGLIANZA DELL'INFLUENZA AVIARIA NEGLI ALLEVAMENTI RURALI IN VENETO

Calogero Terregino (a), Lebana Bonfanti (b), Roberta De Nardi (a), Enza Soardo (c),
Giovanna Ciaravino (b), Francesco Santin (c), Sonia Fassina (a), Ilaria Castaldello (a)

(a) *Centro di Referenza Nazionale e Laboratorio OIE/FAO per la Malattia di Newcastle e
l'Influenza Aviaria; Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro,
Padova*

(b) *Centro Regionale di Epidemiologia Veterinaria (CREV), Istituto Zooprofilattico
Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova*

(c) *Veterinario libero professionista*

A seguito dell'espandersi della gravissima epidemia provocata dal virus ad alta patogenicità H5N1, il Ministero della Salute e la Regione Veneto hanno intensificato negli ultimi anni la sorveglianza per l'influenza aviaria nell'avifauna e nelle popolazioni avicole domestiche. Tra i vari obiettivi di questo sistema di sorveglianza c'è la tempestiva individuazione della circolazione di virus influenzali negli allevamenti rurali al fine di evitarne la diffusione al settore avicolo industriale e per una migliore comprensione del loro ruolo nell'ecologia dell'influenza aviaria. A questo scopo il Centro Regionale Epidemiologico Veterinario (CREV) ha individuato gli allevamenti da sottoporre a monitoraggio sulla base di alcuni fattori di rischio: allevamento all'aperto, vicinanza ad aree umide e ad aree densamente popolate di avicoli (DPPA), allevamenti multispecie, utilizzazione di acque di superficie. Dal 2004, ogni 45 giorni circa, sono stati campionati 89 allevamenti *free-range* costituiti da allevamenti rurali e aziende agrituristiche. Da ogni specie presente negli allevamenti sono stati raccolti un minimo di 10 tamponi cloacali e/o tracheali e un campione di feci fresche. I campioni sono stati analizzati mediante isolamento virale in uova embrionate di pollo secondo quanto indicato nel manuale diagnostico dell'OIE. Durante questo studio sono stati isolati 7 virus influenzali a bassa patogenicità appartenenti a 5 differenti sottotipi in 6 degli 89 allevamenti testati. 5 su 7 dei virus isolati provenivano da campioni prelevati da anatidi. La maggior parte dei virus (5/7) sono stati isolati da campioni raccolti durante la stagione autunnale e invernale. Tra i virus isolati sono stati individuati anche 3 ceppi appartenenti al sottotipo H7 (2 H7N7 e 1 H7N3). L'analisi del genoma virale degli H7 ha evidenziato che sono il risultato di un'introduzione recente da uccelli selvatici. Attraverso i dati ottenuti da tale attività di monitoraggio è possibile costituire nel tempo una mappa delle aree a maggior rischio in cui concentrare la sorveglianza e innalzare i livelli di biosicurezza. Nelle aree e nei periodi a maggior rischio (in concomitanza con flussi migratori) negli ultimi anni state predisposte negli allevamenti *free-range* una serie di misure preventive straordinarie tese a limitare il più possibile il contatto tra gli uccelli domestici e le popolazioni selvatiche. Inoltre, allo scopo di prevenire l'introduzione di virus influenzali negli allevamenti industriali, negli scorsi 3 anni nelle DDPA sono stati definiti corretti standard di allevamento sia dal punto di vista strutturale sia manageriale e sono formati gli allevatori in merito ai parametri per attivare sistemi di allerta precoce per l'individuazione della malattia.

P65. IDENTIFICAZIONE E DISTRIBUZIONE FILOGENETICA DEGLI ALLELI DELL'INTIMINA IN *ESCHERICHIA COLI* ENTEROPATOGENI (EPEC) ED ENTEROEMORRAGICI (EHEC)

Clara Tramuta (a), Patrizia Robino (a), Simona Zoppi (b), Alessandro Dondo (b), Patrizia Nebbia (a)

(a) *Dipartimento Produzioni Animali, Epidemiologia ed Ecologia, Università degli Studi, Torino*

(b) *Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta, Torino*

Il gene che codifica l'intimina (*eae*) presenta l'80% di omologia tra i ceppi EPEC ed EHEC ed è costituito da una regione 5' conservata e una regione 3' variabile. L'estremità C-terminale è responsabile del legame all'enterocita e al recettore Tir; studi dimostrano che differenti varianti alleliche possono essere responsabili del diverso tropismo tissutale. Da un recente lavoro del 2004 di Escobar e Pàramo è emerso che i ceppi di *E. coli* rientrano in sei gruppi filogenetici. Ai gruppi A, B1, C, E (gruppi di derivazione) sono associati ceppi di *E. coli* responsabili di gravi patologie enteriche, mentre ai gruppi D e B2 (gruppi ancestrali) appartengono ceppi associati a diarree lievi. Lo scopo del presente lavoro è stato quello di discriminare le diverse forme alleliche e valutare la distribuzione filogenetica delle varianti dell'intimina in *E. coli* patogeni di origine animale. Una tecnica PCR-RFLP, in grado di caratterizzare le varianti $\alpha 1$, $\alpha 2$, β , $\gamma 1$, $\gamma 2/\theta$, κ , ϵ , ζ e ι , è stata applicata a 67 ceppi di *E. coli* AEEC (37 EHEC e 30 EPEC) provenienti da campioni fecali di animali con sintomatologia enterica (24 bovini, 18 cani e 25 suini). Sugli stessi ceppi è stata eseguita una PCR in grado di determinare il gruppo filogenetico di appartenenza. A partire dai 67 ceppi AEEC, mediante PCR-RFLP sono stati osservati 8 differenti genotipi: *eae- $\alpha 1$* (n=8), *eae- β* (n=18), $\gamma 1$ (n=15), $\gamma 2/\theta$ (n=14), κ (n=3), ϵ (n=4), ζ (n=4), e ι (n=1). I risultati mostrano che le varianti alleliche sono distribuite con percentuali molto simili nelle 3 categorie di animali; la variante *eae- β* (26,9%) è la più frequente nei nostri isolati seguita dal tipo *eae- $\gamma 1$* (22,4%) ed *eae- $\gamma 2/\theta$* (20,9%), mentre le rimanenti forme alleliche sono state trovate più raramente (11,9-1,5%). I ceppi EHEC clasterizzano nei gruppi A, B1 ed E, dove sono state evidenziate soprattutto le varianti $\gamma 1$ e $\gamma 2/\theta$, responsabili di diarree gravi e acute. Contrariamente, i ceppi EPEC si distribuivano prevalentemente tra i gruppi B1 e B2, dove sono state osservate rispettivamente le varianti β e $\alpha 1$, associate a diarree croniche e lievi.

MODELLO DI ANALISI QUANTITATIVA DEL RISCHIO *LISTERIA MONOCYTOGENES* IN SALMONE AFFUMICATO

Angela Vullo, Augusta D'Orazi, Calogero Di Bella
Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia, Palermo

La conservazione di alimenti pronti per il consumo o RTE (*ready-to-eat*) a temperatura di refrigerazione è spesso indicata come un potenziale fattore di rischio per lo sviluppo di pericoli microbici. In particolare, in prodotti come il pesce affumicato, spesso contaminati da *Listeria monocytogenes*, anche se solitamente confezionati sottovuoto e mantenuti a temperatura di refrigerazione, si realizzano le condizioni per la replicazione di questo microrganismo, che può raggiungere livelli di concentrazione tali da rappresentare un pericolo, anche se, per talune categorie di persone sono pericolosi anche bassi livelli di concentrazione. Nel Regolamento (CE) N. 2073/2005, in cui sono definiti i criteri microbiologici applicabili ai prodotti alimentari, il Comitato Scientifico per le misure veterinarie in relazione con la salute pubblica, ha stabilito come limite negli alimenti una concentrazione di *Listeria monocytogenes* inferiore a 100 ufc/g. Lo stesso limite deve essere rispettato anche per gli alimenti pronti per il consumo, diversi da quelli destinati ai lattanti e a fini medici speciali, e la fase in cui si applica il criterio è il periodo di conservabilità. L'obiettivo dello studio è stato quello di fornire un modello di analisi quantitativa del rischio alimentare di contaminazione da *Listeria monocytogenes* nel salmone affumicato. Lo studio è stato articolato in due fasi: 1) analisi della crescita di *Listeria monocytogenes* nel salmone affumicato, utilizzando un modello di microbiologia predittiva che si basa sulle caratteristiche chimico-fisiche dell'alimento e un livello di concentrazione iniziale della *Listeria* inferiore al limite di rilevabilità del metodo d'analisi ufficiale (0,04 ufc/g); 2) valutazione del rischio per i consumatori in base al livello di concentrazione raggiunto dalla *Listeria monocytogenes* nel prodotto al momento del consumo. La fase di vita del prodotto considerata è stata quella intercorrente tra il momento della vendita al dettaglio e il consumo finale in ambiente domestico. Le variabili prese in esame sono state il tempo e la temperatura, in quanto direttamente influenzabili dalle modalità di conservazione e manipolazione del prodotto. I risultati, ottenuti effettuando una simulazione di Montecarlo con il software *@Risk* 4.5 professional version (Palisade, Newfield, USA) con 10.000 iterazioni considerando una temperatura di conservazione media pari a 9°C e un tempo medio di conservazione di 8 giorni, evidenziano che nel 69% delle 10.000 iterazioni i campioni soddisfano il requisito di tolleranza (cioè *Listeria monocytogenes* <100 ufc/g), mentre nel 31% dei casi tale limite viene superato. Questo risultato potrebbe essere oggetto di discussione riguardo all'accettabilità di tale rischio, specie quando si considerano categorie di persone ad alto rischio: soggetti immunodepressi, donne in stato di gravidanza.

P66. GLI ELMINTI ABOMASALI DEGLI UNGULATI SELVATICI DELL'ARCO ALPINO

Sergio Zanzani (a), Maria Teresa Manfredi (a), Anna Rita Di Cerbo (a), Heidi Hauffe (b)
(a) Dipartimento Patologia Animale, Igiene e Sanità Pubblica Veterinaria, Sezione Patologia Generale Veterinaria e Parassitologia, Università degli Studi, Milano
(b) Centro di Ecologia Alpina, Sardinia, Trento

I nematodi abomasali dei ruminanti rappresentano dei buoni indicatori biologici non solo della diversità degli habitat ma anche delle differenze che possono esistere tra una popolazione e l'altra, tenuto conto della forte dipendenza di questi parassiti sia dall'ambiente che dall'ospite. Nell'ottica del rapporto parassita-ospite-ambiente, scopo del presente lavoro è lo studio della struttura della comunità elmintica di ungulati selvatici appartenenti a popolazioni dislocate in diverse aree. L'analisi parassitologica è stata effettuata su un campione di 320 abomasi di cervi (142), caprioli (90) e camosci (88) abbattuti a scopo venatorio nelle stagioni di caccia 2001-2003 e provenienti da 12 popolazioni distinte delle province di Trento, Bolzano e Sondrio. Sono stati rilevati la località e/o la popolazione di provenienza, il sesso e l'età degli ospiti. I parassiti sono stati raccolti dopo lavaggio e filtraggio del contenuto abomasale, contati e identificati. I dati sono stati elaborati mediante l'analisi delle comunità elmintiche e descrizione e visualizzazione grafica della situazione epidemiologica in ambiente GIS. L'elmintofauna abomasale riscontrata in ciascun ospite è risultata tipica per la specie di ungulato considerato. Nel camoscio, le specie dominanti sono risultate *Teladorsagia circumcincta* (P=72,73%; A=95,23) e *Marshallagia marshalli* (P=56,82%; A=37). In questo ospite sono state riscontrate anche specie generaliste quali *Haemonchus contortus* (P=38,64%; A=19,43%) e *Trichostrongylus axei* (P=32,95%; A=22,39). Sono state rilevate differenze significative tra le diverse popolazioni di camosci per le abbondanze di *Trichostrongylus axei* (test di Kruskal-Wallis: p=0,028) e *Teladorsagia pinnata* (test di Kruskal-Wallis: p=0,04). Nel cervo, *Spiculoptera spiculoptera*, *Ostertagia leptospicularis* e *Spiculoptera mathevossiani* rientrano nel gruppo delle specie dominanti, con abbondanze e prevalenze rispettivamente di A=157 e P=84,51%, A=25,56 e P=42,25%, e A=8,10; P=31,69%. Anche in questo caso sono state osservate differenze significative tra diverse popolazioni ospiti relativamente a *S. spiculoptera* (test di Kruskal-Wallis p=0,0000) e *Spiculoptera mathevossiani* (test di Kruskal-Wallis p=0,02). Nel capriolo, sono risultate maggiormente frequenti *Ostertagia leptospicularis* (A=339,78; P=94,44%) e *Spiculoptera spiculoptera* (A=217,44; P=92,22%), seguite da *Ostertagia kolchida* (A=70,33; P=72%), *Trichostrongylus axei* (A=73,11; P=31,11%), *Trichostrongylus capricola* (A=12,11 e P=38,89%) e *Haemonchus contortus* (A=44,56 e P=22%). Lo studio dell'elmintofauna sia mediante l'analisi del rapporto ospite-parassita sia grazie alla visualizzazione grafica su mappe tematiche, rivela una interazione tra specie ospite diverse in funzione dell'habitat. In particolare gli alti valori degli indici epidemiologici osservati per specie generaliste quali *Haemonchus contortus* e *Trichostrongylus axei* in camosci e caprioli sono dovuti alla presenza di elevate densità di ruminanti domestici, con i quali condividono le stesse aree di pascolo.

INDICE DEGLI AUTORI

Abrami, S.; 51
Agnoletti, F.; 51
Agrimi, U.; 103
Alberali, G.L.; 24
Aldrovandi, A.; 71
Aloi, D.; 13; 97; 99
Amato, S.; 14
Ambrosiani, E.; 15
Ambrosini, B.; 28
Amore, G.; 16; 28; 29; 94
Andreoli, E.; 26
Angioni, G.; 58
Antonello, K.; 14; 78
Ariano, F.; 17
Arias, M.; 53
Arrigoni, N.; 105
Autorino, G.L.; 100
Avisani, D.; 32
Bacci, C.; 30
Baioni, E.; 18
Baldi, F.; 67
Barco, L.; 14; 19
Barizzone, F.; 80
Barrocci, F.; 19
Barrucci, F.; 4
Bartolini, C.; 83
Bassoli, O.; 65
Battelli, G.; 21
Battisti, A.; 22; 65; 100
Bella, A.; 6
Belli, A.; 17; 45
Benedetti, V.; 76
Benini, N.; 86
Berchi, R.; 87
Bertoletti, I.; 24; 26
Bertolotti, L.; 9; 27; 29; 94
Bianchi, A.; 24; 26
Bianchi, E.; 51
Biasion, L.; 52
Bilei, S.; 43
Binkin, N.; 46
Bisanzio, D.; 28; 29; 94
Boffo, L.; 52
Bogdanova, T.; 43
Bonardi, S.; 30
Bonazza, V.; 32
Bonfanti, L.; 39; 49; 50; 61; 102; 107
Boniotti, B.; 32
Bonoli, C.; 38; 69
Bordin, P.; 41
Bortoletto, G.; 57
Bortolotti, L.; 39; 61; 77
Boussini, H.; 84
Brajon, G.; 17; 45
Bregoli, M.; 33; 40
Brianti, E.; 35; 95
Brichese, M.; 39; 49; 51; 102
Brindani, F.; 30
Brino, A.; 51
Brown, W.; 16
Brozzi, A.; 59
Brunetti, E.; 56
Bugatti, M.; 83
Busani, L.; 36; 42; 50; 61; 62; 63; 73; 90
Cabras, P.; 97
Cagiola, M.; 64; 83
Calderola, S.; 54
Cantarutti, L.; 42
Capelli, G.; 52; 61; 68; 86
Capello, K.; 36; 42
Capocci, I.; 37
Capozucca, A.; 15; 88
Cappai, S.; 13
Caprioli, A.; 73
Capua, I.; 84
Cariola, G.; 37
Carmignola, G.; 40
Carrozzi, G.; 46
Casaccia, V.; 46; 47; 48
Cassini, R.; 38; 69; 86
Castaldello, I.; 107
Castellani, F.; 81
Catalano, A.; 80
Cattoli, G.; 84

Caverna, O.; 22
 Cecchinato, M.; 61; 102
 Ceglie, L.; 57
 Ceolin, C.; 39; 49; 50
 Cestaro, F.; 38
 Cherchi, S.; 13
 Chiappini, B.; 103
 Chiapponi, C.; 30
 Chiatti, G.; 59
 Ciaravino, G.; 102; 107
 Cibin, V.; 78
 Ciofi degli Atti, M.L.; 6
 Citterio, C.V.; 40
 Ciufolini, M.G.; 81
 Ciullo, M.; 83
 Clapiz, L.; 81
 Cocumelli, C.; 100
 Colleo, M.M.; 89
 Comin, A.; 36; 42
 Comin, D.; 41
 Condoleo, R.; 43
 Conedera, G.; 44
 Conte, M.; 103
 Contini, C.; 97
 Cordaro, G.; 65
 Cordioli, P.; 100
 Corrain, R.; 86
 Corrias, F.; 17; 45
 Cossu, P.; 13
 Costarelli, S.; 83
 Costato, A.; 54
 Couacy-Hymann, E.; 84
 Cova, M.; 33; 40
 Cristofori, M.; 46; 47; 48
 Crotti, D.; 79
 Crotti, S.; 79; 83
 Cuccurese, A.; 71
 D'Aurizio, G.; 88
 D'Orazi, A.; 109
 Dalla Pozza, M.; 39; 49; 50; 51; 62; 63;
 77
 Dalla Pozza, M.C.; 14
 Danesi, P.; 52; 68; 86
 De Bassa, A.; 65
 De Benedictis, P.; 84
 De Giuseppe, A.; 64
 De Mateo-Aznar, M.; 57
 De Mia, G.M.; 53; 72
 De Nardi, R.; 54; 107
 De Rui, S.; 51
 De Santis, P.; 43
 Dei Giudici, S.; 53
 Della Marta, U.; 59
 Di Bartolo, I.; 55
 Di Bella, C.; 109
 Di Cerbo, A.R.; 56; 110
 Di Egidio, A.; 65
 di Lorenzo, P.; 46
 Di Matteo, P.; 65
 Donati, V.; 65
 Dondo, A.; 108
 Drago, A.; 54
 Drigo, M.; 57; 74
 Duranti, A.; 83
 Ecce, A.R.; 97
 Ermini, L.; 58
 Esposito, E.; 103
 Fabbi, M.; 8; 24
 Faccenda, L.; 83
 Fantini, C.; 37
 Farina, G.; 90
 Farina, S.; 58; 97; 99
 Fassina, S.; 107
 Fateh-Moghadam, P.; 36
 Fattori, D.; 56
 Favero, L.; 50; 102
 Fazzi, P.; 103
 Fedeli, U.; 36
 Feliziani, F.; 59; 72
 Fenati, M.; 60
 Ferlazzo, M.; 35; 95
 Ferrarini, F.; 68
 Ferrè, N.; 51; 61; 62; 63; 74
 Filindri, U.; 17
 Fiorentini, C.; 81
 Fisichella, S.; 104
 Flores Rodas, E.M.; 43
 Fois, F.; 97; 99
 Foni, E.; 30
 Forti, K.; 64
 Franco, A.; 65; 104
 Frangipane di Regalbono, A.; 38; 52

Frazzoli, C.; 67
 Furnari, C.; 52; 68
 Fusaro, A.; 84
 Gaffuri, A.; 24; 32
 Gaglio, G.; 35; 95
 Gallardo, C.; 53
 Galletti, G.; 105; 106
 Gallo, T.; 36; 55
 Galuppi, R.; 21; 38; 69
 Gardelli, A.; 70
 Garippa, G.; 21
 Gaspari, L.; 51
 Gaspari, P.; 65
 Ghinato, C.; 71
 Giammarino, M.; 96
 Giammarioli, M.; 72
 Giannetto, S.; 35; 95
 Giannini, R.; 45
 Giaquinto, C.; 42
 Giovannini, R.; 40
 Girelloni, V.; 92; 93
 Goglio, A.; 55
 Gradi, M.; 64
 Granata, G.; 76
 Graziani, C.; 73
 Grego, E.; 27
 Grelloni, V.; 79; 80
 Grigis, A.; 55
 Grimaldi, M.; 41
 Guazzetti, S.; 74
 Guberti, V.; 60
 Guglielmi, F.; 64
 Hauffe, H.; 110
 Invernizzi, E.; 76
 Iurescia, M.; 65
 Joannis, T.M.; 84
 Kitron, U.; 16
 La Rocca, C.; 67
 Ladu, A.; 13
 Lavazza, A.; 24
 Leonelli, R.; 106
 Licata, E.; 105
 Lombardi, D.; 46
 Lombardo, D.; 33
 Lombardo, T.; 44
 Lorenzetti, S.; 67
 Lorenzetto, M.; 49; 74
 Lorenzi, N.; 55
 Lovari, S.; 65; 104
 Lucarelli, C.; 73
 Luini, M.; 76
 Luppi, A.; 106
 Luzzi, I.; 73
 Macrì, C.; 67
 Magistrali, C.; 64; 65
 Magnino, S.; 24
 Maioli, G.; 86
 Maistri, P.; 76
 Malandrucchio, L.; 15; 37
 Manca, G.; 77
 Mancin, M.; 19; 33; 44; 73; 78
 Mancini, S.; 80
 Manfredi, M.T.; 56; 110
 Mangani, S.; 17
 Manna, G.; 100
 Mannelli, A.; 27; 28; 29; 74; 94
 Mantovani, A.; 67
 Manuali, E.; 79
 Maragliano, L.; 37
 Maragno, M.; 14
 Maranghi, F.; 67
 Marangon, S.; 36; 42; 49; 50; 61; 62; 63;
 77; 102
 Marcaccio, S.; 64
 Marconi, P.; 45
 Maresca, C.; 80
 Marini, F.; 22
 Marongiu, E.; 97
 Martelli, F.; 70
 Martello, E.; 28
 Martin, E.; 53
 Martini, M.; 57
 Masia, G.; 89
 Masini, P.; 92; 93
 Mattiello, S.; 26
 Mazzette, R.; 89
 Mazzolini, E.; 81; 86
 Mazzone, P.; 83
 Mehrez Aly, M.; 84
 Meloni, D.; 89
 Menichelli, M.; 64
 Merenda, M.; 36

Merialdi, G.; 65
 Meriggia, A.; 56
 Micagni, G.; 21
 Micarelli, G.; 43
 Miceli, M.; 22; 46
 Minorello, C.; 78
 Mioni, R.; 14; 19; 41
 Monne, I.; 84
 Montarsi, F.; 86
 Morabito, S.; 30
 Moracci, G.; 67
 Morelli, L.; 103
 Moretta, I.; 92; 93
 Moretti, A.; 92; 93
 Morsetti, G.; 36
 Mulatti, P.; 61; 62; 63; 74
 Mureddu, A.; 89
 Murtino, A.P.; 13
 Mutinelli, F.; 18; 33; 52
 Nardelli, S.; 49
 Natale, A.; 61
 Nebbia, P.; 27; 94; 96
 Nicolai, G.; 59
 Niutta, P.; 46
 Noce, G.; 87; 88
 Nocera, L.; 105
 Nonno, R.; 103
 Oggiano, A.; 13; 53
 Onorati, R.; 65
 Ortali, G.; 50; 102
 Ostanello, F.; 58; 70
 Owczarek, S.; 73
 Pacciarini, M.L.; 24; 32; 39; 83
 Pagan de' Paganis, A.; 68
 Pagliacci, T.; 80
 Paladini, I.; 17; 45
 Palmas, C.; 97
 Palmerini, F.; 45
 Pani, F.; 97
 Pantaleoni, R.; 21
 Paoli, M.; 90
 Paris, A.; 30
 Parisi, C.; 103
 Pasolli, C.; 33; 40
 Passera, A.; 81
 Paterlini, F.; 24
 Patta, C.; 97
 Pedrotti, L.; 33
 Pellegrini, C.; 53; 72
 Pengo, D.; 59
 Perra, A.; 46
 Perri, M.; 76
 Perugini, G.; 83
 Piazza, A.; 17; 45
 Pintore, A.; 13
 Pipia, A.P.; 21
 Piras, F.; 89
 Piras, P.; 46; 97; 99
 Pontecorvo, F.; 15
 Porcellano, E.; 52
 Porrini, M.; 80
 Pozzato, N.; 90
 Principato, M.; 92; 93
 Puggioni, G.; 13
 Raffaelli, C.; 54
 Ragagli, C.; 28; 29; 94
 Ramini, M.; 46
 Relisti, V.; 45
 Ribaldi, E.; 30
 Ricchi, R.; 100
 Ricci, A.; 4; 14; 19; 36; 42; 62; 65; 73;
 77
 Risitano, A.L.; 35; 95
 Rizzo, C.; 6; 55
 Robino, P.; 96; 108
 Rodo, M.; 96
 Roffi Isabelli, C.; 22
 Rolesu, S.; 13; 97; 99
 Rombolà, P.; 22
 Rondena, M.; 76
 Rosele, P.; 14
 Ru, G.; 18; 74; 103
 Ruffini, F.; 65
 Ruggeri, F.M.; 55
 Rugna, G.; 106
 Ruiz, M.O.; 16
 Ruscio, M.; 81
 Saccardin, C.; 78
 Sacchi, C.; 24
 Sala, G.; 24
 Sala, M.; 22; 59; 100
 Salamida, S.; 79

Salmaso, S.; 6
 Salmi, F.; 30
 Salomoni, A.; 54
 Salzberg, S.L.; 84
 Sanna, G.; 58
 Sanna, M.L.; 13
 Santantonio, M.; 55
 Santin, F.; 107
 Santini, A.; 100
 Saporito, G.; 15
 Sartore, S.; 102
 Satta, G.; 97; 99
 Sbardellati, F.; 68
 Sborchia, M.; 43
 Scala, A.; 21; 58
 Scamarcia, A.; 42
 Scanziani, E.; 76
 Scavia, G.; 46; 103
 Scicluna, M.T.; 100
 Scozzia, E.; 80
 Scolamacchia, F.; 103
 Selmi, M.; 100
 Sensi, M.; 79
 Seu, W.; 97
 Severi, G.; 64
 Sforzi, M.; 14
 Soardo, E.; 107
 Solinas, F.; 97
 Sommavilla, G.; 40
 Sorbara, L.; 65
 Spallucci, V.; 43
 Spaziani, A.; 15
 Staffolani, M.; 104
 Stefani, E.; 90
 Stegeman, A.; 3
 Striano, G.; 104
 Susini, F.; 100
 Tagliabue, S.; 24; 32
 Tait, S.; 67
 Tamba, M.; 105; 106
 Tampieri, M.P.; 69
 Targhetta, C.; 44
 Tassinari, R.; 67
 Terregino, C.; 50; 54; 107
 Tessuto, L.; 76
 Tola, A.; 89
 Tomassone, L.; 16; 28; 29; 94
 Tosone, D.; 81
 Tramuta, C.; 27; 96; 108
 Tranquillo, M.; 74
 Trevisiol, K.; 33; 40
 Trotta, G.; 17
 Ubaldi, A.; 22
 Usai, F.; 97
 Vaccari, G.; 103
 Valentini, A.; 15; 37
 Valli, M.B.; 104
 Valorz, C.; 90
 Vanzetto, A.; 38
 Varcasia, A.; 21
 Vascellari, M.; 18; 33
 Vaschetti, G.; 96
 Vecchi, G.; 106
 Venditti, G.; 79; 80; 92; 93
 Vento, L.; 99
 Venturi, G.; 81
 Vescovi, M.; 36; 77
 Vicenzoni, G.; 90
 Vincenzi, G.; 77
 Vio, D.; 44
 Vio, P.; 19; 78
 Volpe, A.; 22
 Vullo, A.; 109
 Zampetti, S.; 93
 Zanardi, G.; 24; 32; 76
 Zanon, M.G.; 24; 32; 39
 Zanzani, S.; 110
 Zavagnin, P.; 78
 Zoppi, S.; 108
 Zuliani, M.; 55

*La riproduzione parziale o totale dei Rapporti e Congressi ISTISAN
a stampa o online deve essere preventivamente autorizzata.
Le richieste possono essere inviate a: pubblicazioni@iss.it.*

*Stampato da Litografia Chicca di Fausto Chicca
Via di Villa Braschi 143, 00019 Tivoli (Roma)*

Roma, giugno 2007 (n. 2) 11° Suppl.