



IZSAM G. CAPORALE
TERAMO



Campylobacter

Laboratorio Nazionale di Riferimento

Attribuzione delle fonti di infezione della campylobacteriosi nell'uomo in Italia

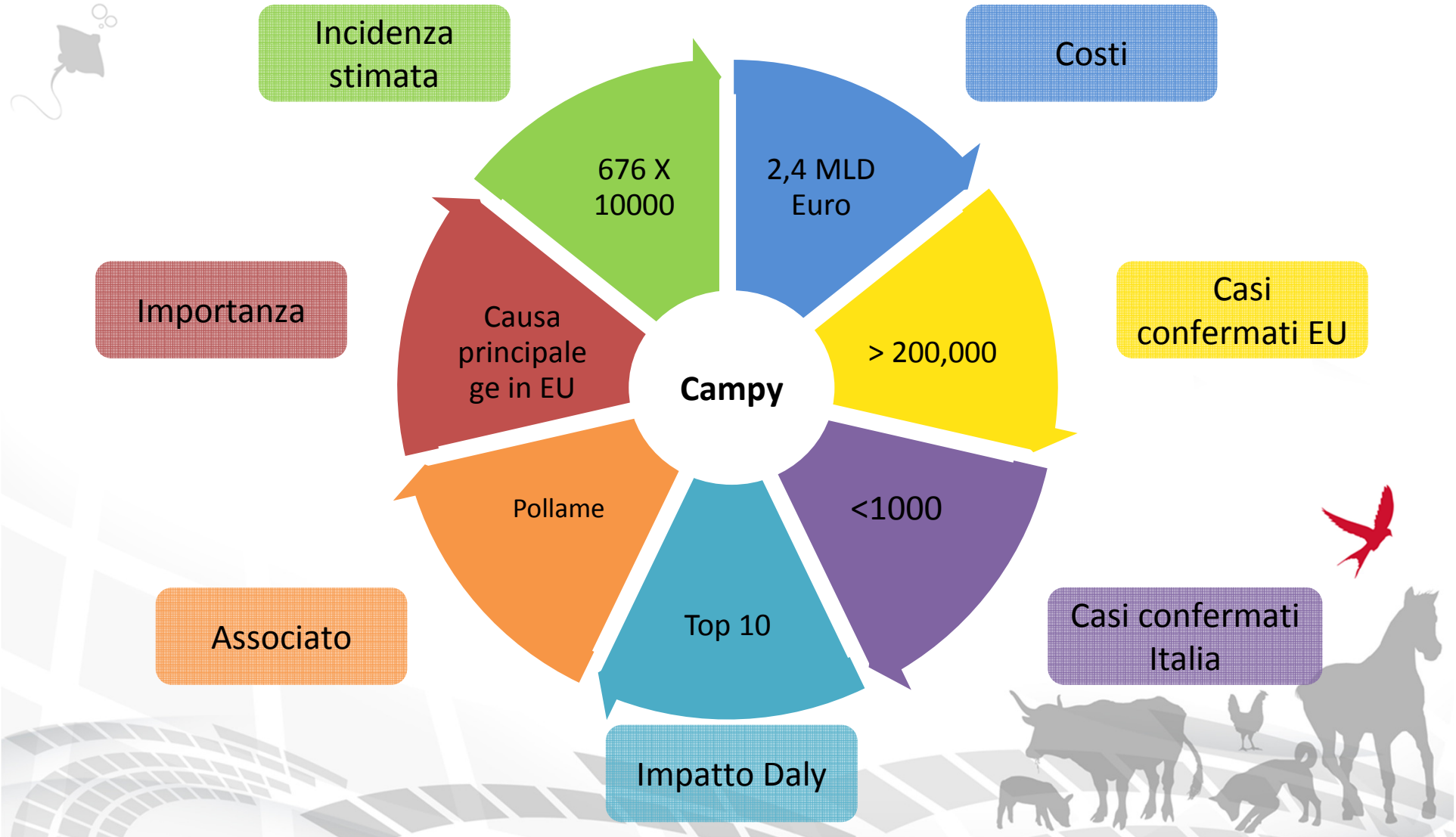
G. Garofolo

Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise 'G. Caporale'
Teramo, 15 dicembre 2015

Centro Internazionale per la Formazione e l'Informazione Veterinaria "Francesco Gramenzi"



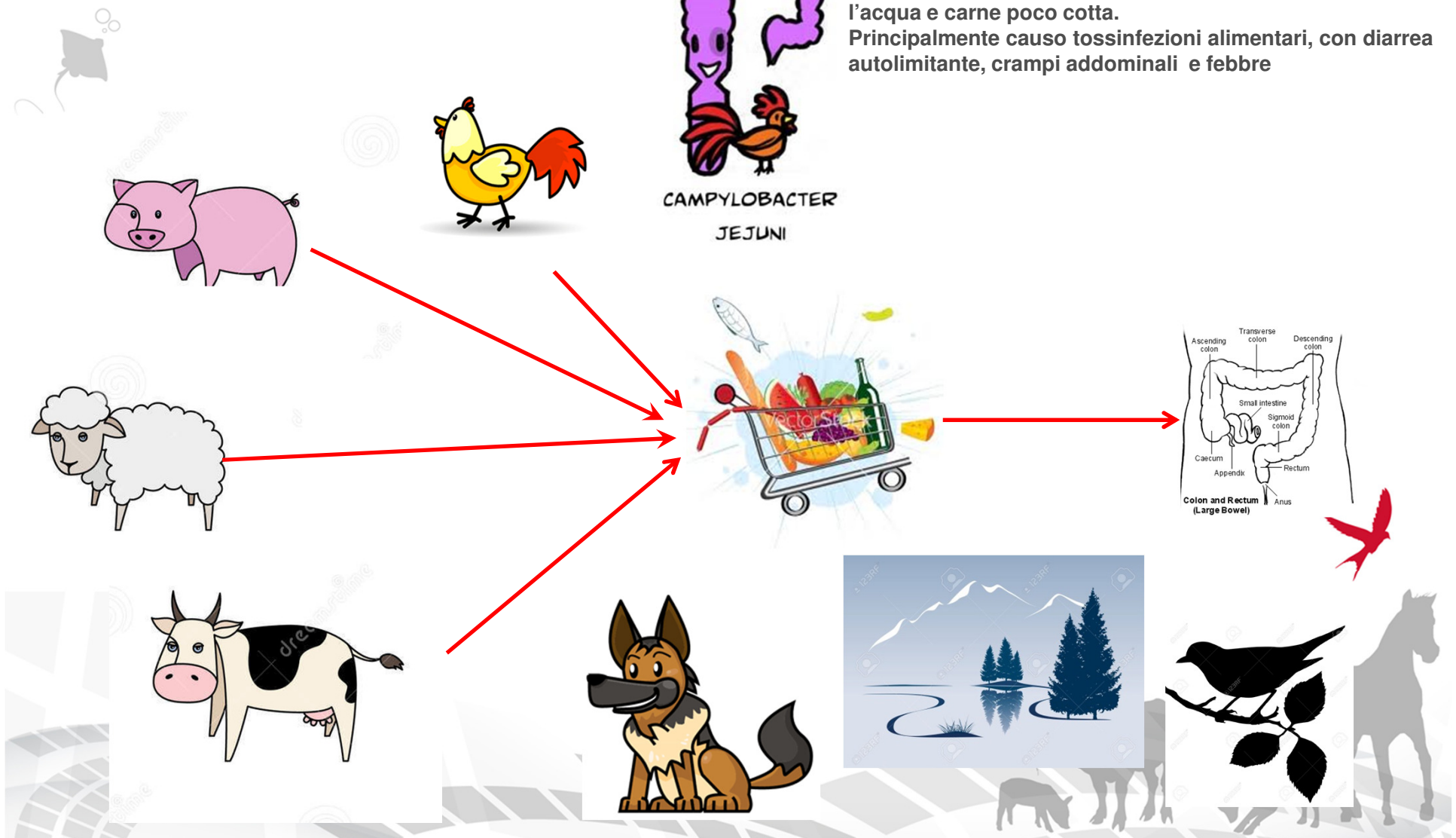
Campylobacteriosi



C. jejuni



Sono C. jejuni. Sono un Gram negativo. Mi puoi trovare in un sacco di animali domestici. Infetto l'uomo tramite l'acqua e carne poco cotta. Principalmente causa tossinfezioni alimentari, con diarrea autolimitante, crampi addominali e febbre.

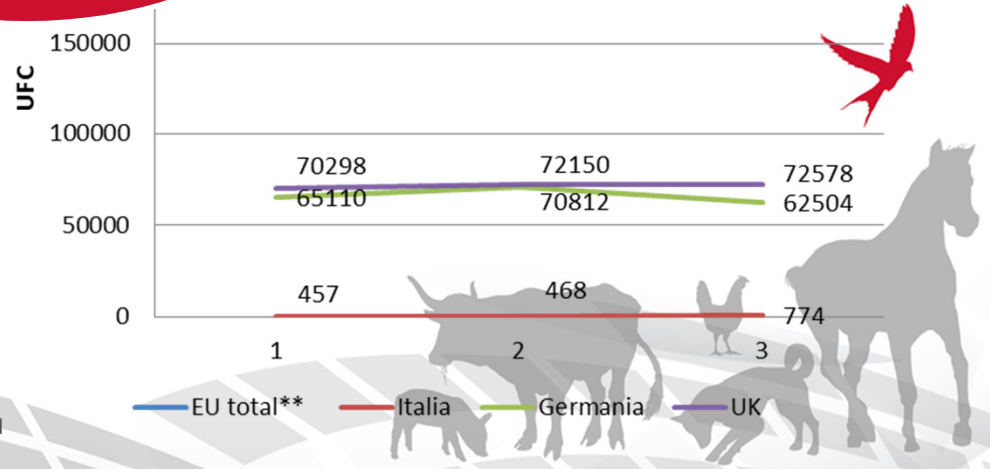
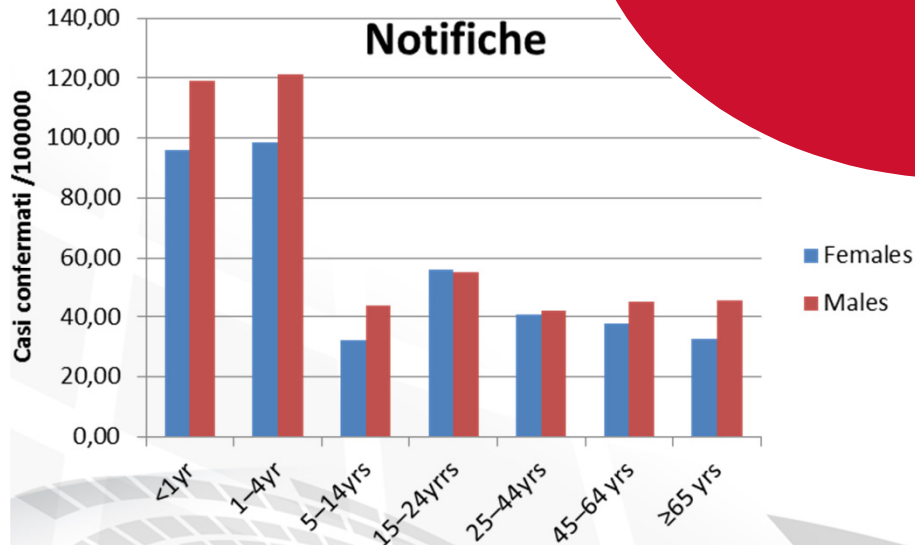
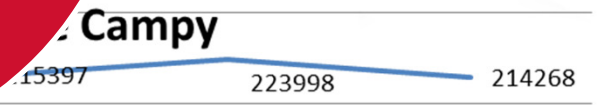
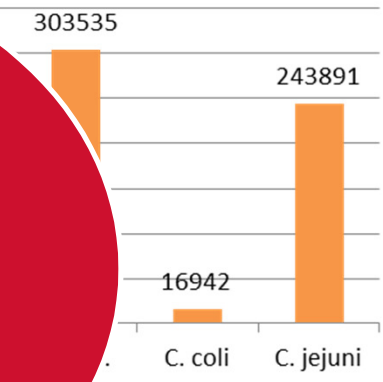


Contagio: chi?

Tutti possono contrarre la campylobacteriosi
Ma gli **under 4** sono più a rischio



Qual è
Il reservoir



Campylobacteriosi

Studi precedenti per identificare la fonte di infezione nell'uomo basati sulla caratterizzazione genomica:

Nuova Zelanda

Inghilterra

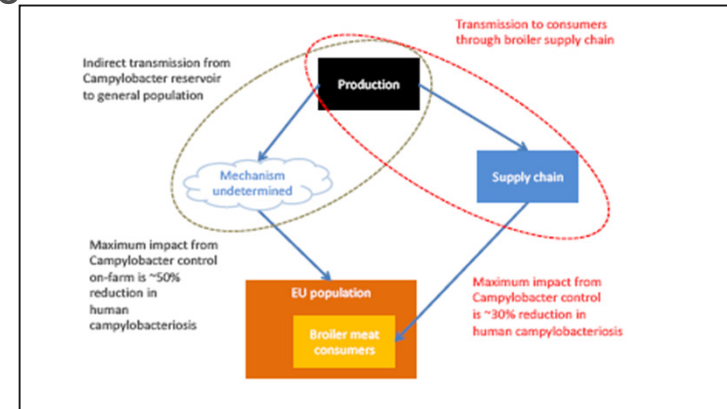
Olanda

Danimarca:

- **Pollame 50-80%**
- **Bovino 15-30%**

• **Ovini, Maiali, Animali selvatici, acqua e ambiente contano**

Non più del 15%



Quali sono le misure per ridurre il rischio ?

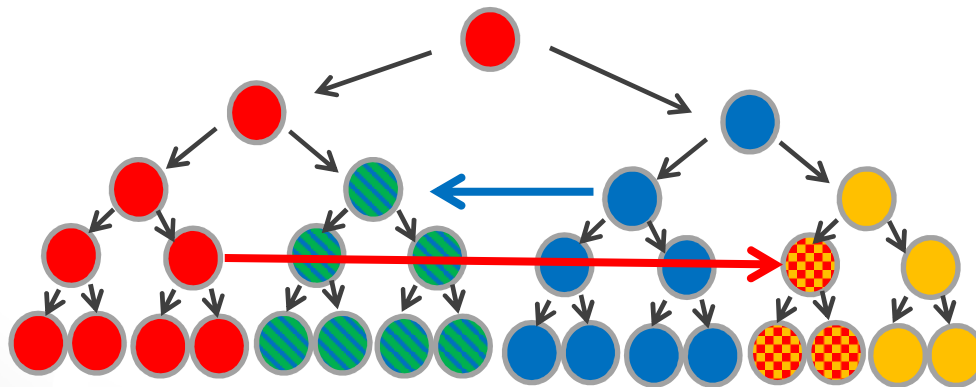
1. Ridurre la sua presenza in produzione primaria
2. Migliorare l'igiene della carne con trattamenti specifici



C. jejuni evoluzione



C. jejuni si caratterizza per la sua diversità genomica e per possedere una struttura di popolazione non clonale dovuta alla presenza di elevata ricombinazione genetica



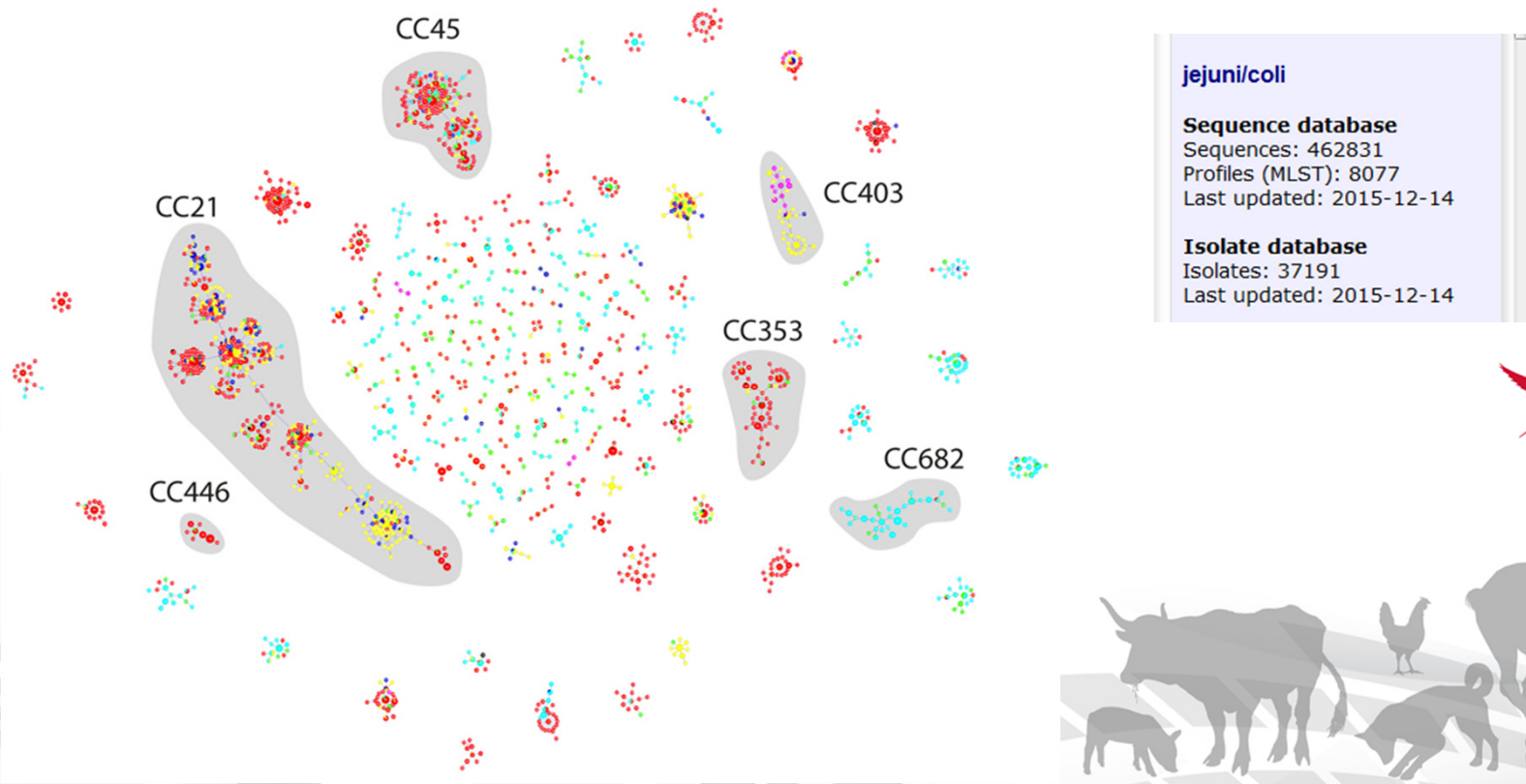
I microrganismi che manifestano ricombinazione sono più impegnativi per l'epidemiologia in quanto difficilmente possono essere associati in modo unico ad un reservoir. In pratica, bisognerebbe analizzare solo le parti del genoma informative per la loro evoluzione

- **Alta diversità**
- **Ricombinazione omologa**



Struttura popolazione *C. jejuni*

a) La popolazione di *C. jejuni* si struttura in oltre 8,000 *Sequence type*, che vengono raccolti in una cinquantina di *Clonal complex* (CC)



Campylobacteriosi in Italia

Dati preliminari

Scopo: rintracciare la fonte di infezione per 44 casi registrati nell'ultimo quinquennio

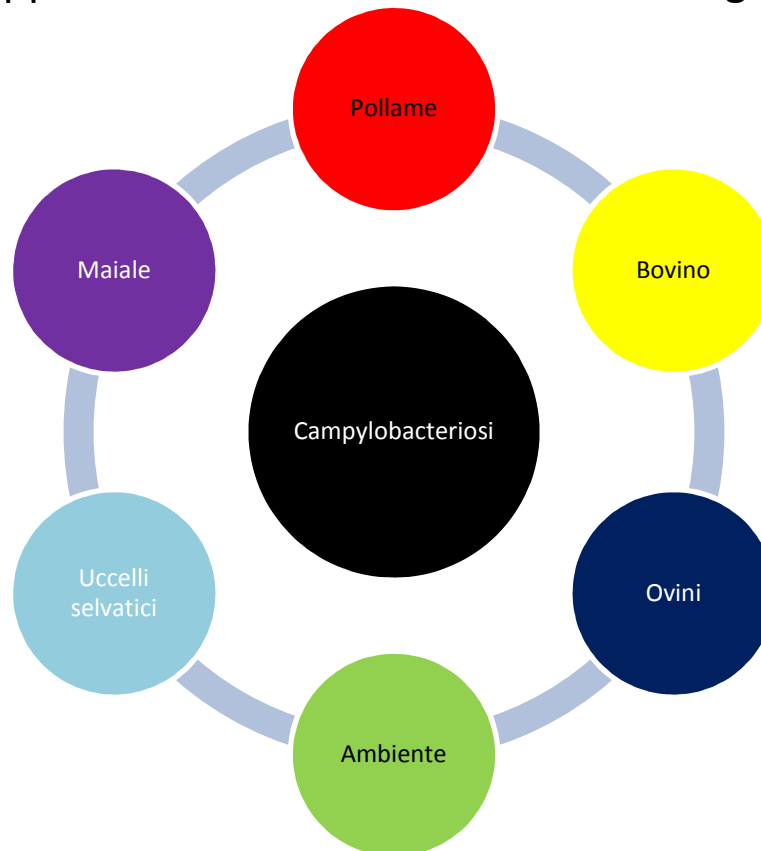
Metodi:

Genetica di popolazione *C. jejuni* ricostruita con metodo MLST

Modello di assegnazione **asymmetric island (Wilson et al. 2008):**

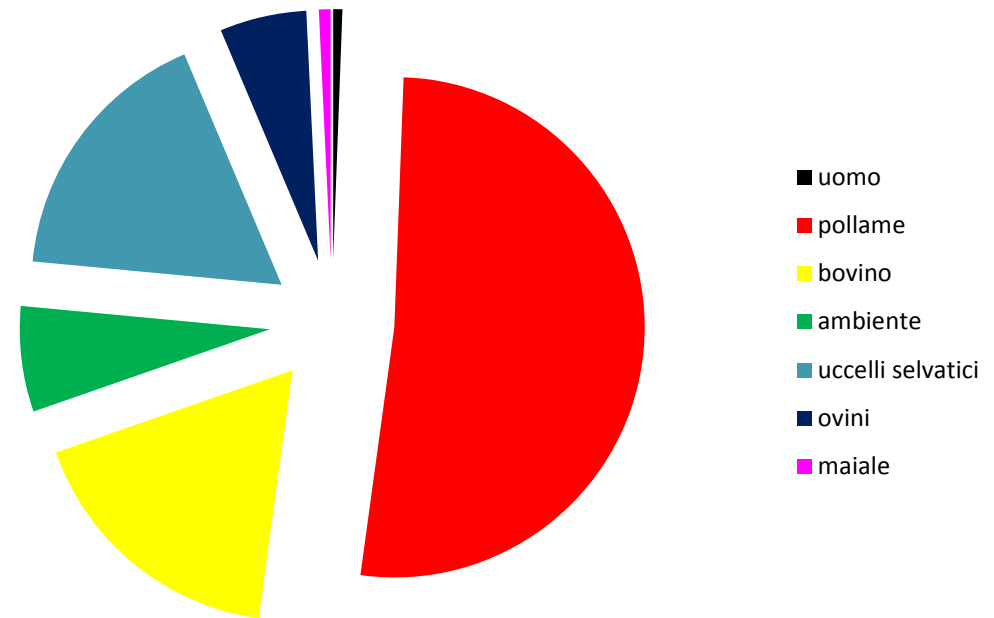
Approccio di tipo filogenetico con assegnazione probabilistica dei casi alle fonti di infezione considerate. L'approccio si basa sul concetto di eterogeneità genetica nei e fra i gruppi considerati.

MLST tipizzati
Italia Nu. 687
PubMLST Nu. 6911



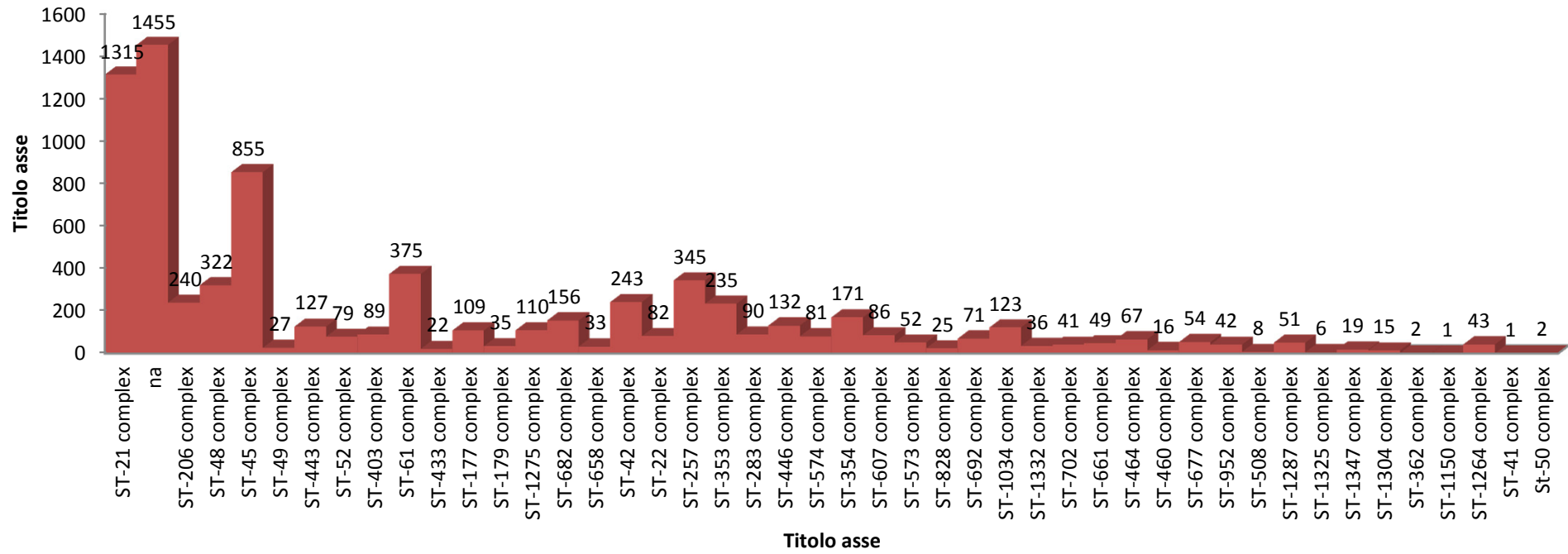
Database internazionale

Composizione database internazionale

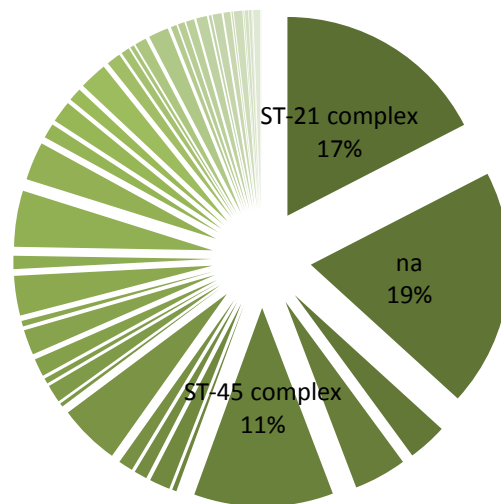


CC	No. Isolati	perc.
ST-21 complex	1315	17,4%
na	1455	19,3%
ST-206 complex	240	3,2%
ST-48 complex	322	4,3%
ST-45 complex	855	11,3%
ST-49 complex	27	0,4%
ST-443 complex	127	1,7%
ST-52 complex	79	1,0%
ST-403 complex	89	1,2%
ST-61 complex	375	5,0%
ST-433 complex	22	0,3%
ST-177 complex	109	1,4%
ST-179 complex	35	0,5%
ST-1275 complex	110	1,5%
ST-682 complex	156	2,1%
ST-658 complex	33	0,4%
ST-42 complex	243	3,2%
ST-22 complex	82	1,1%
ST-257 complex	345	4,6%
ST-353 complex	235	3,1%
ST-283 complex	90	1,2%
ST-446 complex	132	1,8%
ST-574 complex	81	1,1%
ST-354 complex	171	2,3%
ST-607 complex	86	1,1%
ST-573 complex	52	0,7%
ST-828 complex	25	0,3%
ST-692 complex	71	0,9%
ST-1034 complex	123	1,6%
ST-1332 complex	36	0,5%
ST-702 complex	41	0,5%
ST-661 complex	49	0,7%
ST-464 complex	67	0,9%
ST-460 complex	16	0,2%
ST-677 complex	54	0,7%
ST-952 complex	42	0,6%
ST-508 complex	8	0,1%
ST-1287 complex	51	0,7%
ST-1325 complex	6	0,1%
ST-1347 complex	19	0,3%
ST-1304 complex	15	0,2%
ST-362 complex	2	0,0%
ST-1150 complex	1	0,0%
ST-1264 complex	43	0,6%
ST-41 complex	1	0,0%
St-50 complex	2	0,0%
	7538	

Frequenze clonal complex globali

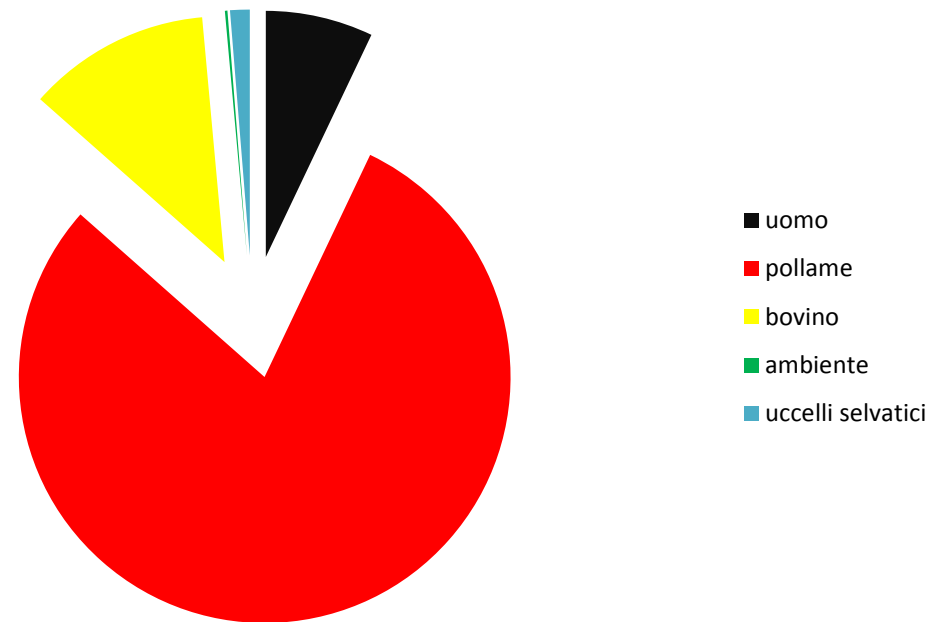


Clonal complex globali



Database Italia

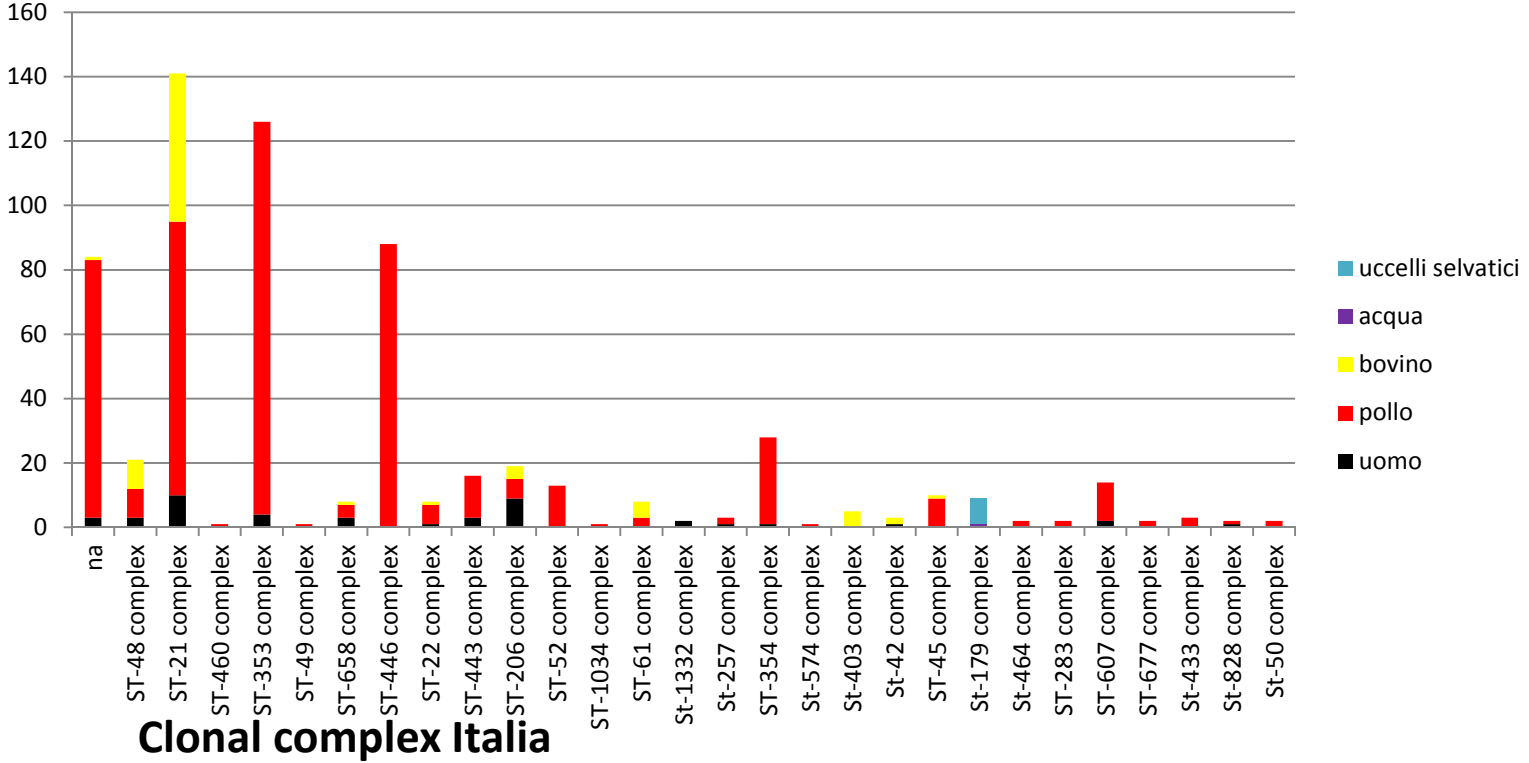
Composizione database Italia



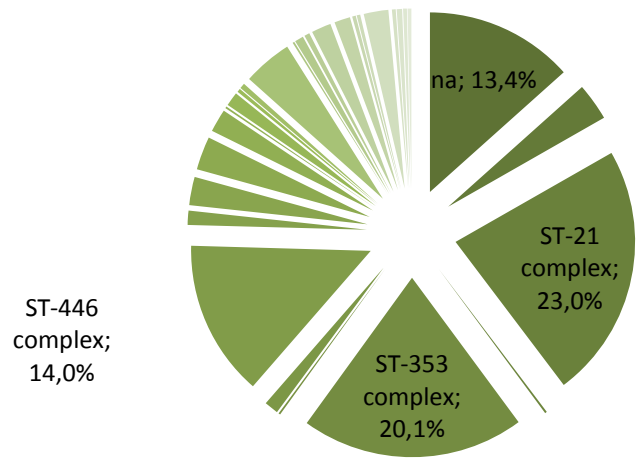
10% degli isolati del database internazionale
Individua 28 CC e

CC	No. Isolati	Perc.
na	84	13,4%
ST-48 com	21	3,3%
ST-21 com	144	23,0%
ST-460 cor	1	0,2%
ST-353 cor	126	20,1%
ST-49 com	1	0,2%
ST-658 cor	8	1,3%
ST-446 cor	88	14,0%
ST-22 com	8	1,3%
ST-443 cor	16	2,6%
ST-206 cor	19	3,0%
ST-52 com	13	2,1%
ST-1034 cc	1	0,2%
ST-61 com	8	1,3%
St-1332 co	2	0,3%
St-257 con	3	0,5%
ST-354 cor	28	4,5%
St-574 con	1	0,2%
St-403 con	5	0,8%
St-42 com	3	0,5%
ST-45 com	11	1,8%
St-179 con	9	1,4%
St-464 con	2	0,3%
ST-283 cor	2	0,3%
ST-607 cor	14	2,2%
ST-677 cor	2	0,3%
St-433 con	3	0,5%
St-828 con	2	0,3%
St-50 com	2	0,3%
	627	

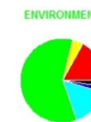
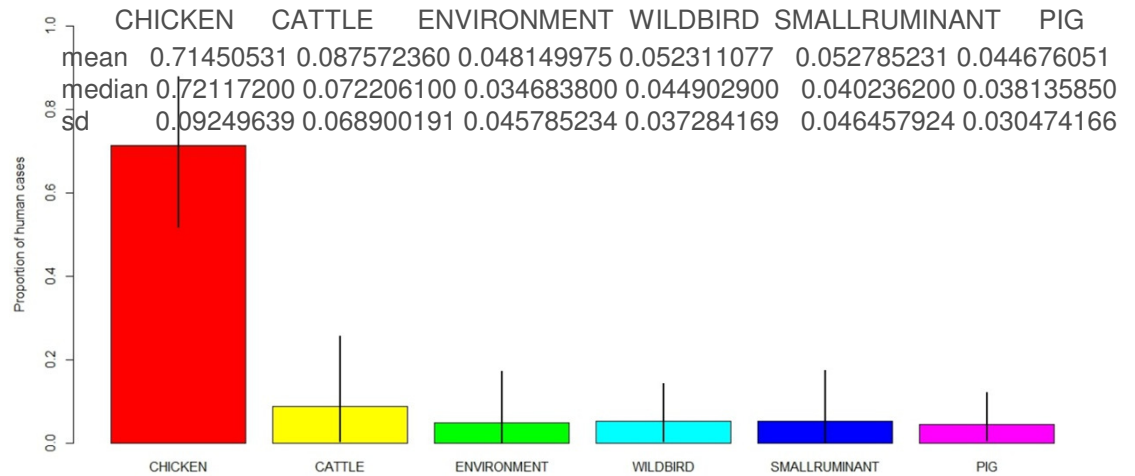
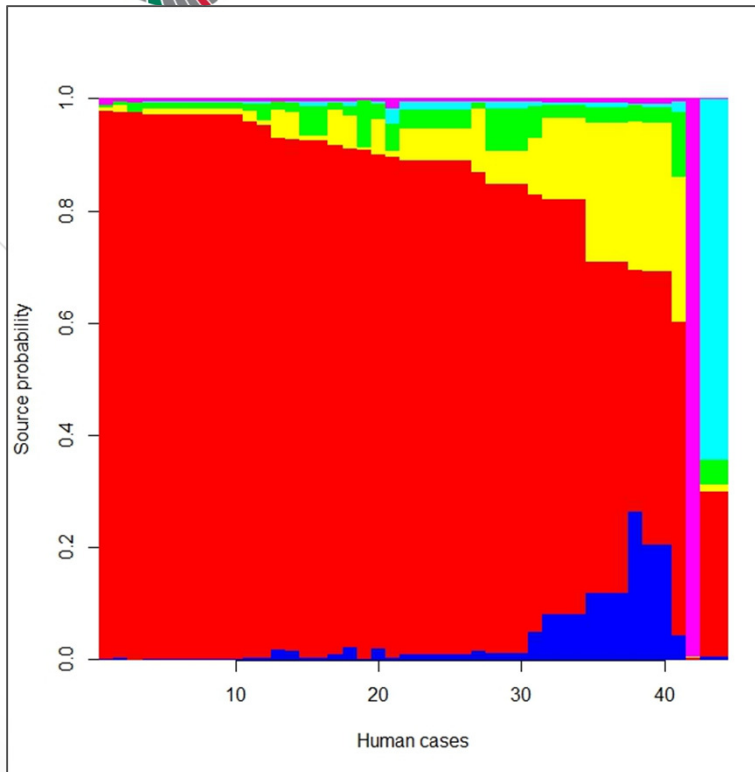
Clonal complex Italia



Clonal complex Italia

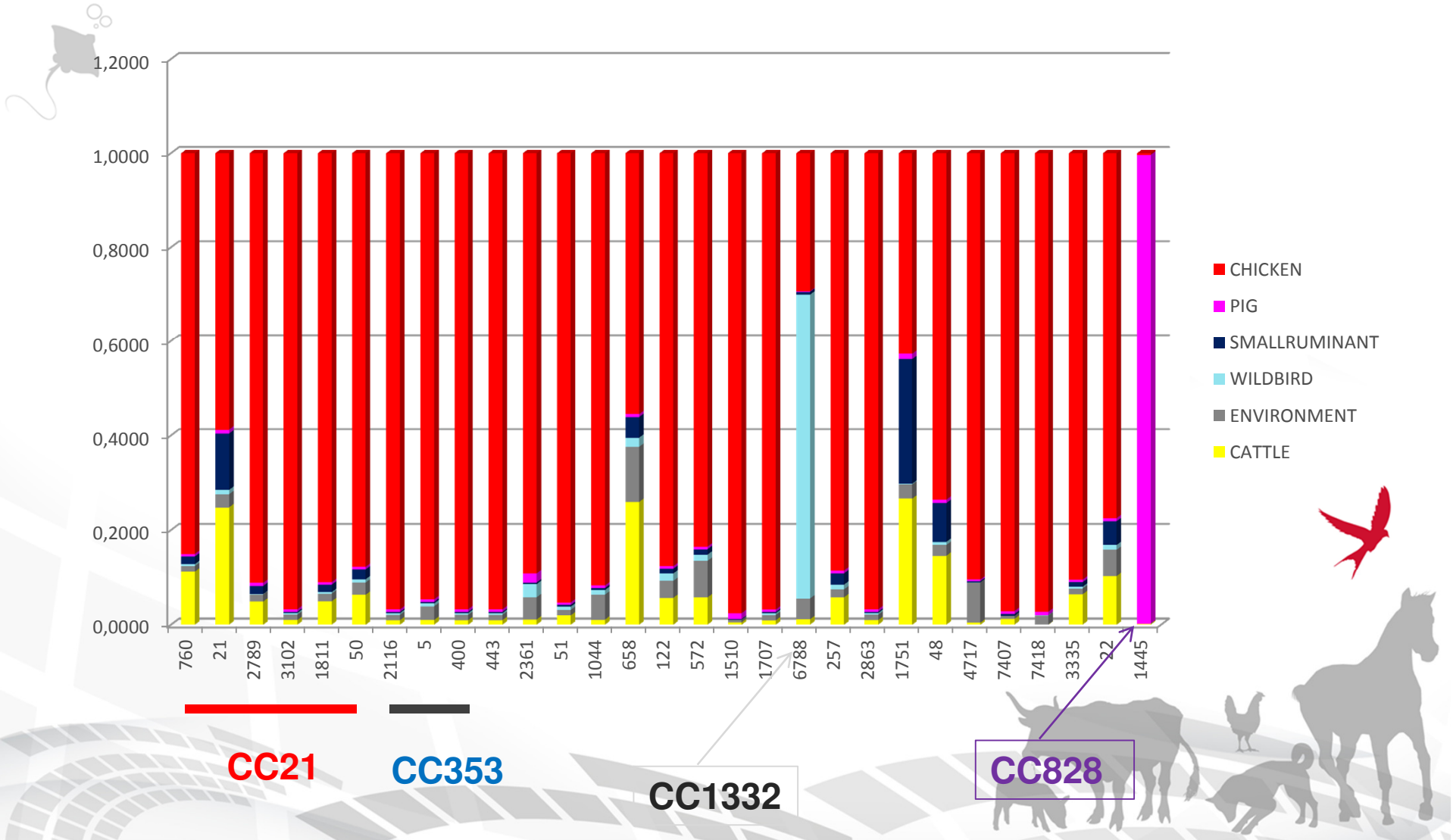


Risultati – Modello asymmetric island

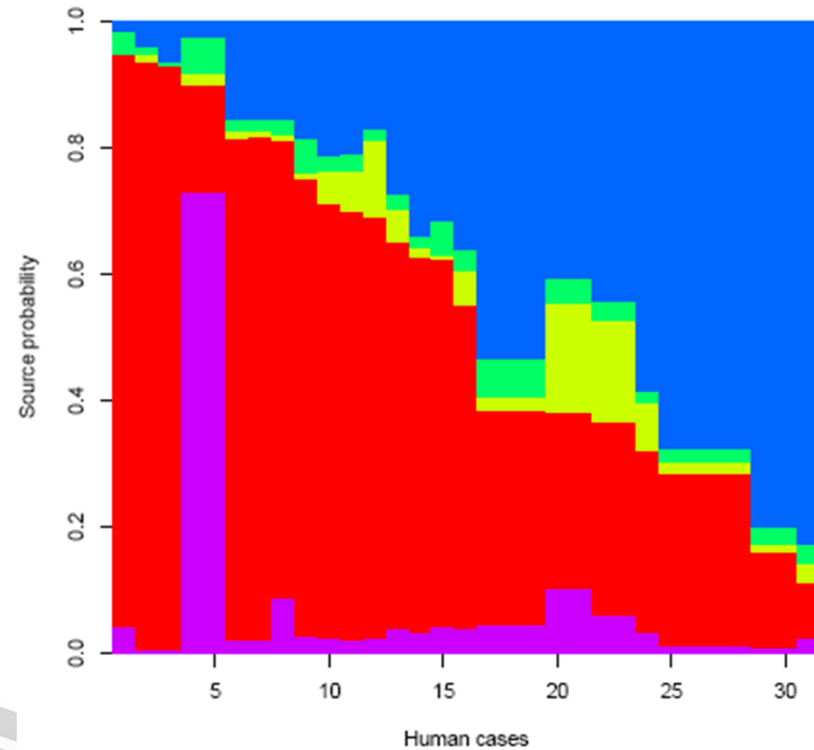
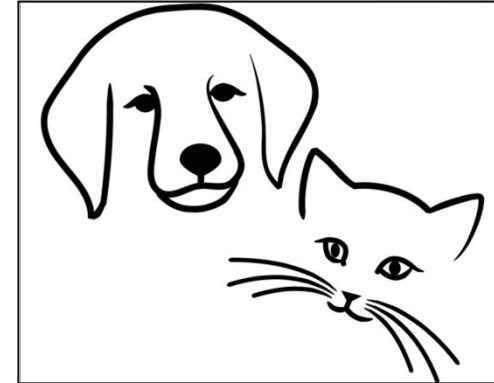
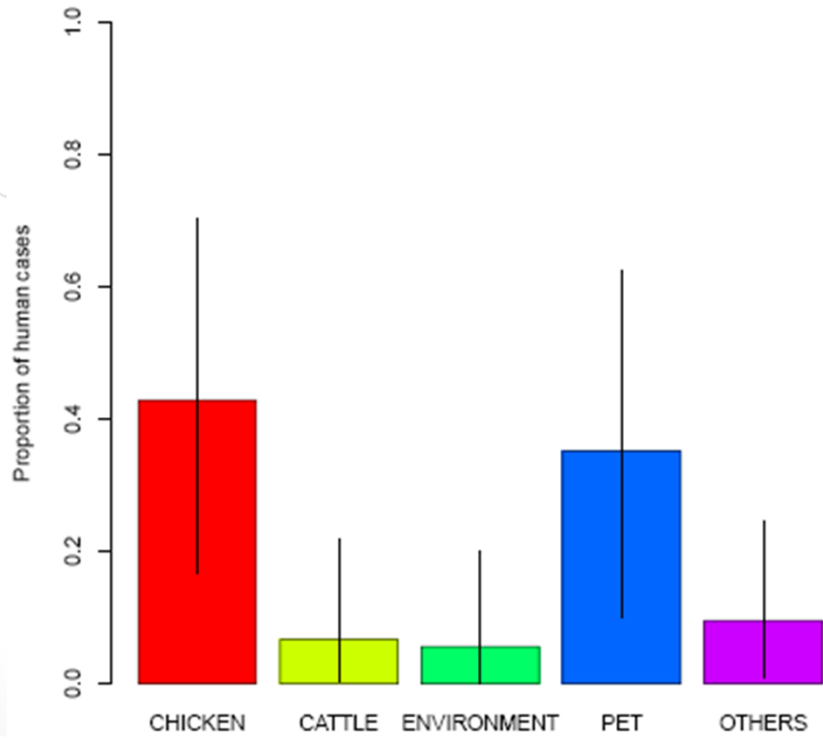


Le fonti più probabili
Pollo-Bovino-Ovino
Pollo-Ovino-Bovino
 Cross-validazione
 Pollame,
 Ruminanti
 uccelli selvatici, ambiente

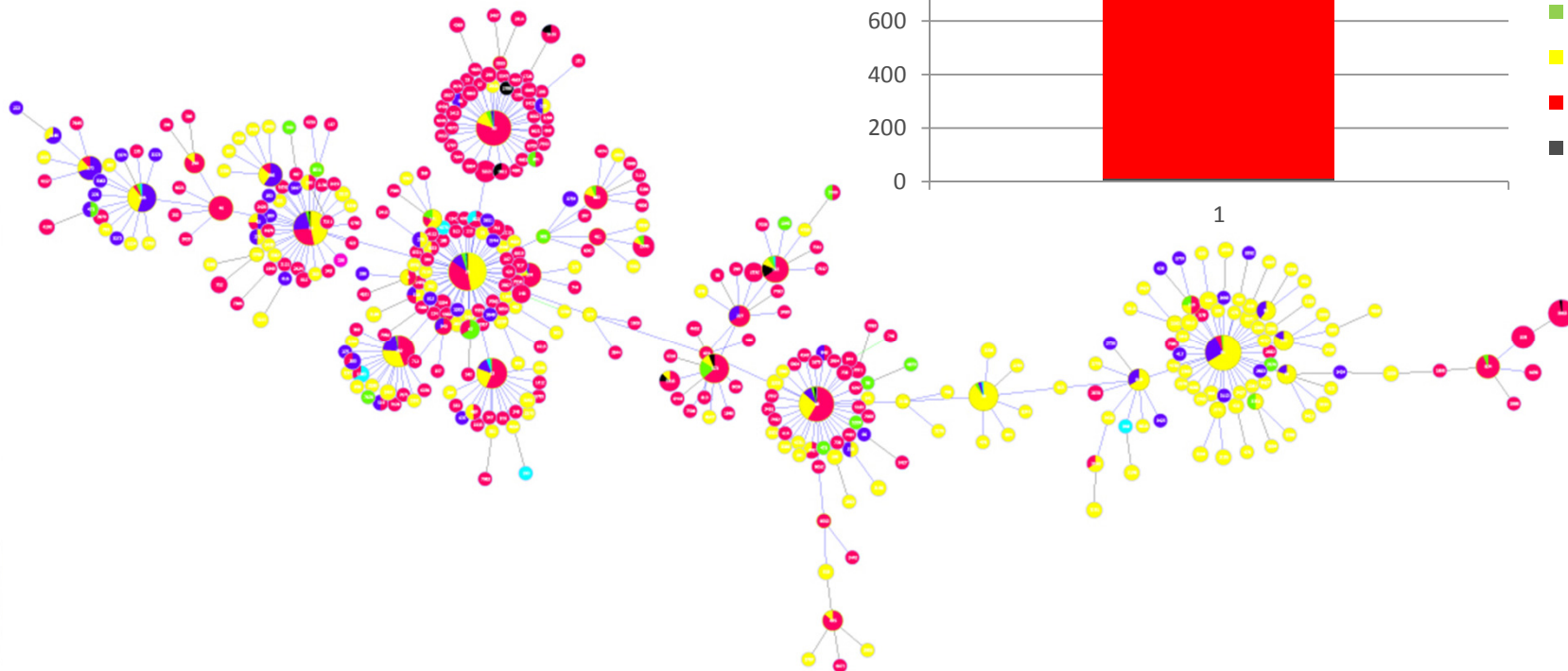
Distribuzione probabilità



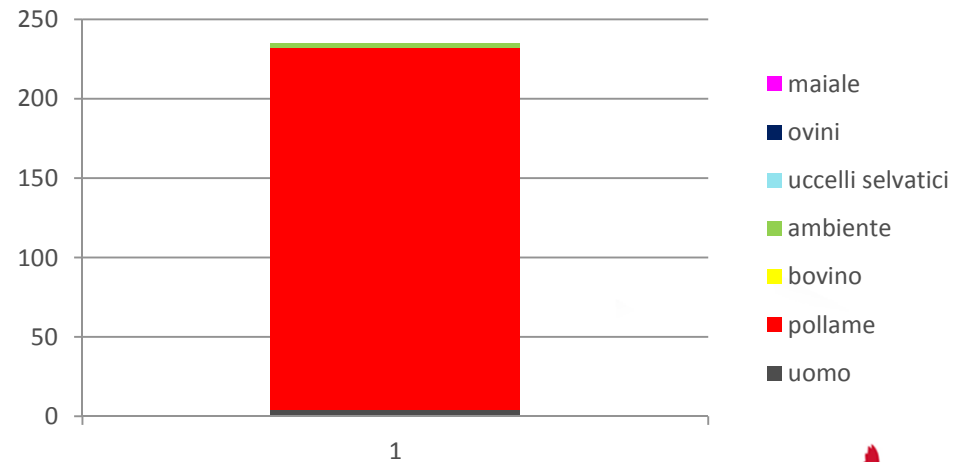
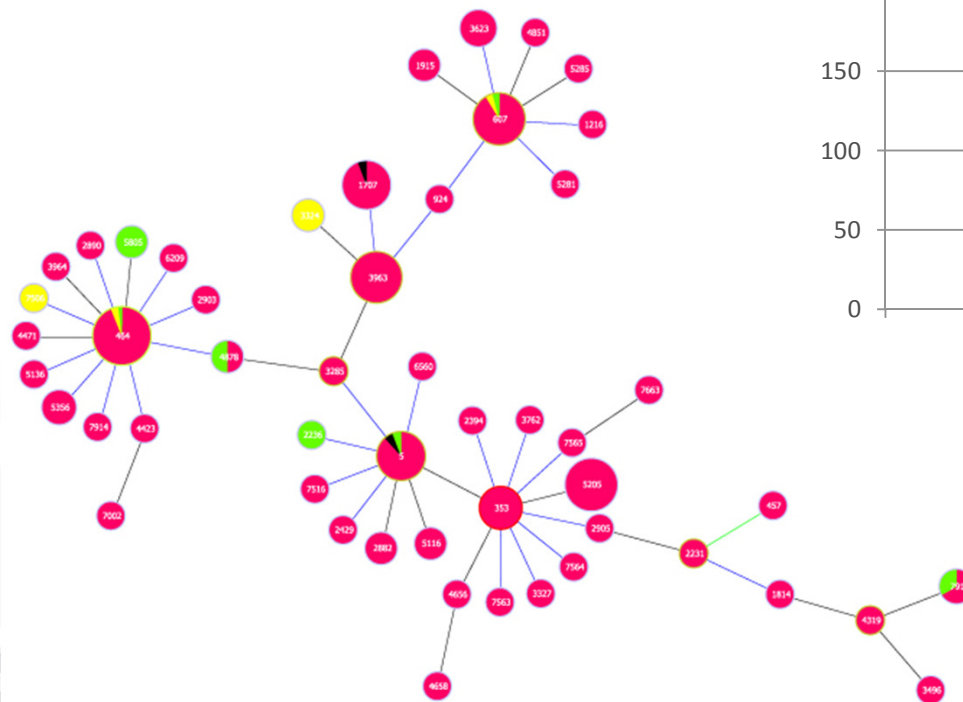
Curiosità.....



a) Gruppo genetico: generico con frequenti cambi di nicchia ecologica

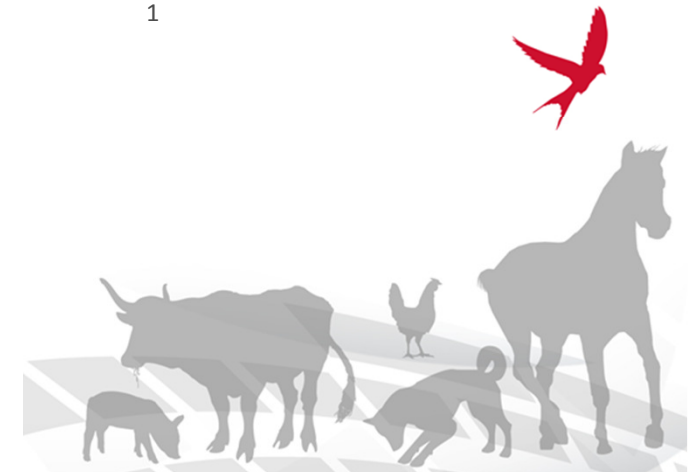
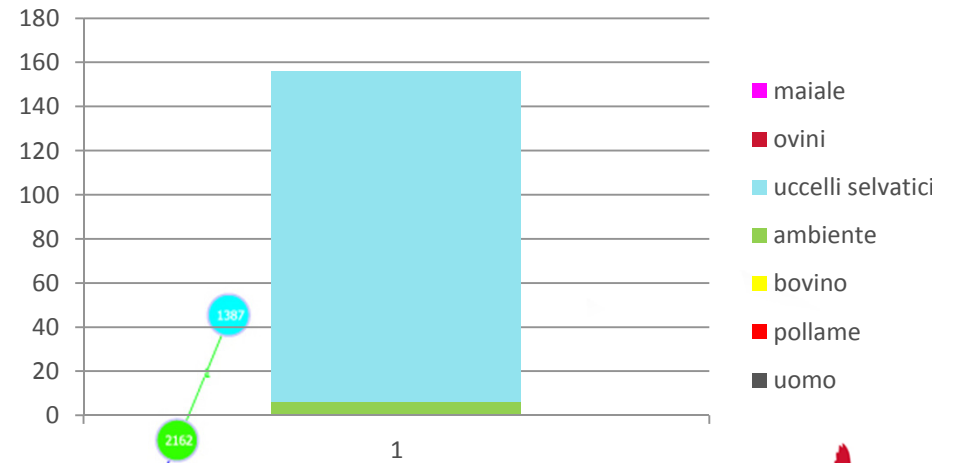
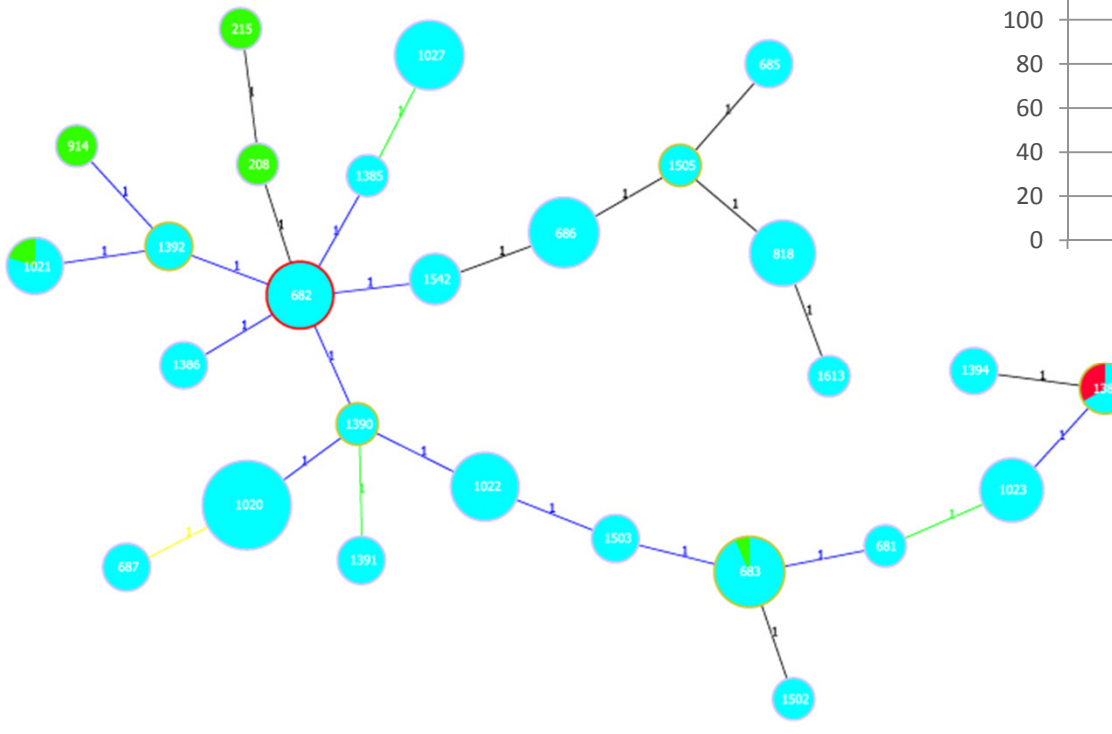


a) Gruppo fortemente associato al pollame CC353



a) Gruppo associato uccelli selvatici

CC682





 *Campylobacter*
Laboratorio Nazionale di Riferimento

Conclusioni

1. I dati preliminari indicano che in Italia la fonte principale per la campylobacteriosi è il pollame
2. Non mancano segnalazioni di altre fonti (bovino; ovini; selvatici; maiale)
3. C'è bisogno di un'attenta valutazione della campylobacteriosi in Italia
4. C'è una distinzione tra i genotipi associati all'allevamento e quelli degli uccelli selvatici



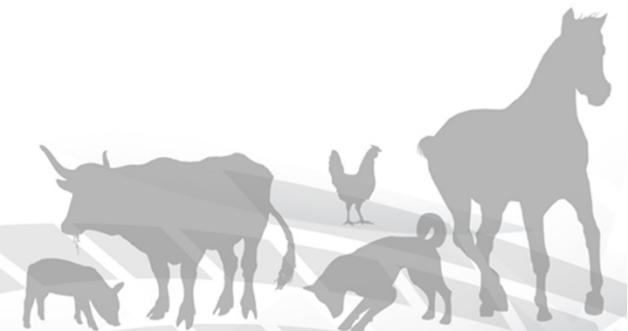


 *Campylobacter*
Laboratorio Nazionale di Riferimento



Per il futuro

- Implementare un database italiano di riferimento. Con una più significativa rappresentazione di altri reservoir.
- Monitoraggio della campylobacteriosi in Italia.
- Uso di cgMLST per evidenziare una struttura anche per gruppi genetici poco differenziati





IZSAM G. CAPORALE
TERAMO



Campylobacter
Laboratorio Nazionale di Riferimento

Grazie

