

Znaczenie epidemiologiczne oraz identyfikacja jednofazowych szczepów *Salmonella* Typhimurium 1,4,[5],12:i:-

ANDRZEJ HOSZOWSKI, DARIUSZ WASYL

Zakład Mikrobiologii, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy,
Al. Partyzantów 57, 24-100 Puławy

Hoszowski A., Wasyl D.

Epidemiological importance and identification of the monophasic strains of *Salmonella* Typhimurium 1,4,[5],12:i:-

Summary

Salmonella spp. is one of the most common causes of foodborne diseases. Infections are mainly caused by the consumption of food of animal origin contaminated with *Salmonella*. To date, over 2,610 serotypes have been recognised, but only several show epidemiological importance. The number of human cases caused by *Salmonella* 1,4,[5],12:i:- has increased over the last decade, and they have become one of the most frequent serovars in many countries. The paper presents current knowledge on the spread, epidemiology, antimicrobial resistance and pathogenicity of *Salmonella* 1,4,[5],12:i:-, also known as monophasic *Salmonella* Typhimurium strains. Special attention was paid to diagnostic issues related to this particular *Salmonella* variant.

Keywords: *Salmonella*, monophasic *S. Typhimurium*, epidemiology, diagnostics

W ostatnich latach w wielu krajach odnotowano występowanie szczepów *Salmonella* o nietypowej strukturze antygenowej, które zostały określone jako „podobne do Typhimurium”. O wzroście zagrożenia epidemiologicznego wynikającego z wywoływanych przez nie zakażeniami ludzi, zaobserwowanego w wielu krajach europejskich (11), Ameryce Północnej (9, 38) i Południowej (42) oraz Azji (2, 37) świadczy rosnąca liczba publikacji poświęconych temu zagadnieniu.

Celem niniejszego opracowania jest omówienie zagadnień związanych z epidemiologią i diagnostyką szczepów *Salmonella* reprezentujących ten wariant serologiczny *S. Typhimurium*.

Sytuacja epidemiologiczna salmonellozy

Pałeczki *Salmonella* spp. uważane są za jedną z najczęstszych przyczyn zatruć pokarmowych ludzi w całym świecie. W 2009 r. w krajach Unii Europejskiej (UE) były one przyczyną ponad 108 tysięcy zachorowań przy współczynniku zapadalności wynoszącym 23,7 na 100 000 mieszkańców. Największe znaczenie w wywoływaniu salmonellozy na terenie UE, włączając w to Polskę, mają serowary *Salmonella* (*S.*) Ente-

ritidis i *S. Typhimurium* odpowiedzialne za 52,3% i 23,3% przypadków zachorowań ludzi (11). Współczynnik zapadalności na salmonellozę w 2009 r. wyniósł w Polsce 23,2 (6).

Większość przypadków salmonellozy związana jest ze spożywaniem zanieczyszczonej pałeczkami *Salmonella* żywności pochodzenia zwierzęcego. Niekiedy jednak do zakażenia człowieka dochodzi poprzez wodę, kontakty z zakażonymi zwierzętami lub zanieczyszczonym środowiskiem (27, 47).

Wśród 6674 szczepów *Salmonella* wyizolowanych od zwierząt w krajach UE w 2008 r., stwierdzano: *S. Enteritidis* (34,2%), *S. Paratyphi* B var. Java (8,8%), *S. Infantis* (6,5%), *S. Typhimurium* (5,6%) i *S. Virchow* (4,8%) (10). Serowary te, z wyjątkiem *Paratyphi* B var. Java, należały również do najczęściej notowanych wśród izolatów przekazanych do Krajowego Laboratorium Referencyjnego Salmonellozy w Państwowym Instytucie Weterynaryjnym – Państwowym Instytucie Badawczym.

Kraje UE zobowiązane są do przekazywania danych o występowaniu *Salmonella* u ludzi i zwierząt do Europejskiego Urzędu ds. Bezpieczeństwa Żywności (EFSA) oraz Europejskiego Centrum ds. Zapobiega-

nia i Kontroli Chorób (ECDC). Prowadzone przez te instytucje analizy epidemiologiczne umożliwiają określenie znaczenia poszczególnych serowarów *Salmonella* w kontekście zagrożeń dla zdrowia publicznego. W ostatnim okresie zaobserwowano wzrost liczby zachorowań ludzi w krajach UE wywoływanych przez szczepy *Salmonella* posiadające strukturę antygenową 1,4,[5],12:i:-.

Diagnostyka *Salmonella* i jednofazowych szczepów *S. Typhimurium*

Metoda wykrywania *Salmonella* w żywności i paszach jest opisana w normie PN-EN ISO 6579:2003, a w przypadku próbek od zwierząt zasady postępowania przedstawiono w dodatku A1:2007. Zapewnia ona skuteczną izolację z badanego materiału pałeczek *Salmonella* o typowych i nietypowych właściwościach antygenowych, jak np. *S.* 1,4,[5],12:i:-. Potwierdziły to wyniki badań przeprowadzonych na terenie UE, w których szczepy o takiej strukturze stwierdzano u świń, indyków i na tuszkach brojlerów (3-5, 7). Nie nadaje się ona jednak do wykrywania *Salmonella* pozbawionych zdolności ruchu, takich jak np. *S. Gallinarum*.

Struktura antygenowa 2610 znanych obecnie serowarów *Salmonella* została opisana w schemacie Kauffmann-White-LeMinor (22, 24). Ich rozpoznanie polega na identyfikacji antygenów somatycznych i rzęskowych metodą aglutynacji szkiełkowej z surowicami diagnostycznymi. Antygeny rzęskowe są białkami kodowanymi przez geny *fliC* i *fljB* odpowiedzialne, odpowiednio, za ekspresję 1 i 2 fazy (14, 32, 41, 48). *Salmonella* posiadające antygeny rzęskowe tych faz cechuje tzw. „zmiennosc fazowa”, która jest wynikiem naprzemiennej ekspresji obu genów. Wytwarzanie białka *fljB* skutkuje szeregiem przemian, których efektem jest hamowanie transkrypcji *fliC*. Zmiennosc ekspresji faz występuje raz na 1000-100 000 generacji bakterii, a proces ten jest regulowany przez układ kilkadziesiąt genów. Kluczową rolę odgrywa w nim gen *hin*, kodujący białko – rekombinazę, która powoduje odwracalną inwersję fragmentu DNA zawierającego promotor transkrypcji *fljB* (14, 32, 48). Utrata całego lub delecja fragmentów wcześniej wymienionych genów powoduje, że niektóre serowary wykształcają rzęski złożone z antygenów jednej fazy lub nie są zdolne w ogóle do ich produkcji (16, 30). Wytwarzanie dwu faz antygenów rzęskowych cechuje bakterie zaliczane do czterech podgatunków *Salmonella enterica* (*enterica*, *salamae*, *diarizonae* i *indica*). W przypadku podgatunków *arizonae* i *houtenae* oraz gatunku *S. bongori* wszystkie serowary są jednofazowe. Opisano również trójfazowe serowary mające antygeny „fazy R” kodowane przez zlokalizowany na plazmidzie gen *flpA* (22, 32, 39). Niekiedy *Salmonella* zdolne do ekspresji 2 faz rzęskowych tracą możliwość wytwarzania jednej z nich, co prowadzi do wystąpienia nietypowych form serologicznych (18, 19). Oprócz jednofazo-

wych szczepów 1,4,[5],12:i:- izolowano też wariant 1,4,[5],12:-:1,2 określane jako szczep podobny do *S. Typhimurium* (*S. Typhimurium*-like strains), a także szczepy pozbawione obu faz (15, 21).

Występowanie jednofazowych szczepów *S. Typhimurium* u ludzi

Przed 1990 r. odnotowano zaledwie kilka przypadków izolacji od ludzi *Salmonella* 1,4,[5]:i:- (20, 29). Począwszy od lat 90. ubiegłego stulecia obserwuje się wzrost zagrożenia związanego z takimi szczepami, chociaż rzeczywista skala tego zjawiska pozostała nie do końca rozpoznana. Wynika to chociażby z faktu, że w dotychczasowych programach monitorowania *Salmonella* u ludzi nie zastosowano ujednoczonego nazewnictwa takich szczepów (3-5, 7, 21). Pierwsze dane z monitoringu występowania u ludzi jednofazowych szczepów *S. Typhimurium* pochodzą z 2007 r., kiedy to w krajach UE zaczął funkcjonować Europejski System Nadzoru Epidemiologicznego i kilka krajów podało informację o stwierdzeniu szczepów o strukturze antygenowej 1,4,[5],12:i:- (10). Analiza danych epidemiologicznych wykazała, że wiarygodne informacje pochodziły z 7 krajów (Dania, Niemcy, Irlandia, Włochy, Luksemburg, Holandia i Hiszpania), w których laboratoria zastosowały się do rekomendacji Laboratorium Referencyjnego *Salmonella* Światowej Organizacji Zdrowia i podały pełną strukturę antygenową wykrywanych szczepów (22). EFSA zaleca obecnie, aby ten wariant serologiczny określać mianem jednofazowych szczepów *S. Typhimurium* (monophasic *S. Typhimurium* strains) dla odróżnienia od „podobnych do *S. Typhimurium*” szczepów *Salmonella* 1,4,[5],12:-:1,2 (21).

Pierwszym krajem europejskim, w którym zarejestrowano pojawienie się jednofazowych szczepów *S. Typhimurium* u ludzi była Hiszpania. W 1993 r. izolowano tam od chorych na salmonellozę kilka szczepów *Salmonella* 1,4,[5],12:i:-, ale począwszy od 1997 r. serowar ów stał się jednym z najczęściej stwierdzanych w tym kraju. Zauważono wówczas podobną do *S. Typhimurium* oporność na szereg antybiotyków, a także przynależność tych szczepów do typów fagowych DT104 i U302 (18, 19, 44). W Niemczech tendencję wzrostową notowano od 1999 r. aż do 2008 r., gdy udział *Salmonella* 1,4,[5],12:i:- wśród izolatów od ludzi wyniósł 42,8% (26, 45). We Włoszech w latach 2004-2009 szczepy podobne do *S. Typhimurium* stały się drugą pod względem częstości występowania grupą stwierdzaną w przypadkach salmonellozy, a większość szczepów cechowała wielooporność i przynależność do typu fagowego DT193 (17). W Luksemburgu serowar ten dominował w 2006 r., powodując zachorowanie 133 osób, z których jedna zmarła (33). W Holandii pierwszy jednofazowy szczep *S. Typhimurium* wykryto w 2004 r., a w kolejnych latach ich liczba rosła, by, podobnie jak we Francji, stać się trzecim serowarem notowanym u ludzi w 2008 r. (13,

15, 21). Analiza epidemiologiczna wykazała, że zachorowania stwierdzone we Francji były powiązane ze spożywaniem suszonej kiełbasy wieprzowej (13). Jednofazowe szczepy *S. Typhimurium* były przyczyną wielu przypadków salmonellozy na terenie UK w latach 2008-2009 (12, 28, 36).

Salmonella 1,4,[5],12:i:- notowano również poza Europą. W Stanach Zjednoczonych częstość zachorowań wywołana przez jednofazowe szczepy *S. Typhimurium* istotnie wzrosła w ostatniej dekadzie, o czym świadczy fakt, że w 2006 r. zaliczono je do grupy 6 serowarów najczęściej obserwowanych u ludzi (9). W Ameryce Południowej serowar ten wyizolowano w późnych latach 70., a częstość jego wykrywania w Brazylii wrosła pięciokrotnie w 1990 r., kiedy stał się jednym z 5 najczęściej stwierdzanych serowarów u chorych na salmonellozę (42). Również w Tajlandii, Japonii i na Karaibach jednofazowe szczepy *S. Typhimurium* dominują w przypadkach zatruc pokarmowych człowieka (2, 37). Analizy epidemiologiczne jako główne źródło zakażenia człowieka wskazują mięso wieprzowe (2, 13, 33, 37, 48).

Występowanie jednofazowych szczepów *S. Typhimurium* u zwierząt

Salmonella 1,4,[5],12:i:- izolowano również od zwierząt, z żywności i pasz. Badania prowadzone w krajach UE wykazały obecność tego wariantu serologicznego u świń (4, 5), indyków (7) i w tuszkach brojlerów (3). Najczęstszym źródłem *Salmonella* 1,4,[5],12:i:- są jednak świnię (2, 4, 5, 13, 33, 37). W UK stwierdzano takie szczepy u świń i bydła oraz u owiec, koni, psów i zwierząt w ogrodach zoologicznych (8, 12, 25, 34, 36). Wysoce zjadliwe jednofazowe *S. Typhimurium* DT193 notowano również u zwierząt dzikich (35). W Polsce serowar ten był stwierdzany w stadach reprodukcyjnych świń (46), a w 2010 r. w Krajowym Laboratorium Referencyjnym Salmonellozy zidentyfikowano kilkanaście izolatów pochodzących z mięsa wieprzowego, wołowego, drobiowego, środowiska produkcji pasz, osadów ściekowych oraz od gęsi (obserwacje własne). W USA *Salmonella* 1,4,[5],12:i:- stwierdzano u brojlerów, w środowisku ich chowu oraz począwszy od 2004 r. u bydła, kiedy to szczepy te znalazły się w grupie 10 serowarów najczęściej izolowanych ze źródeł zwierzęcych (48).

Charakterystyka jednofazowych szczepów *S. Typhimurium*

Charakterystyczną cechą izolatów stwierdzanych w Hiszpanii była kodowana w plazmidzie wielooporność obejmująca: ampicilinę, chloramfenikol, sulfonamidy, gentamycynę, streptomycynę oraz tetracyklinę. Izolaty należały do typów fagowych DT104 i U302, charakterystycznych dla *S. Typhimurium* (19). Szczepy stwierdzone w kolejnych latach w USA i Europie reprezentowały typy fagowe DT193 i DT120 i wykazywały kodowaną chromosomalnie oporność na: am-

picylinę, streptomycynę, sulfonamidy i tetracyklinę (26, 28, 31, 45). W obu przypadkach oporność ta była efektem obecności genów spotykanych zwykle zarówno u *S. Typhimurium*, jak i innych *Enterobacteriaceae* (23, 26, 28, 31). Wielooporność szczepów z Tajlandii obejmowała dodatkowo kwas nalidiksowy (37), podczas gdy szczepy amerykańskie i brazylijskie najczęściej były wrażliwe na badane antybiotyki (1, 42). Pomimo tak różnych profili i mechanizmów oporności oraz typów fagowych, przy użyciu metod biologii molekularnej (PFGE, PCR), szczepy jednofazowe są często nierozróżnialne od *S. Typhimurium* (2, 19, 32, 41). U szczepów *Salmonella* 1,4,[5],12:i:-, podobnie do innych serowarów, dochodzi do licznych i niezależnych od siebie zdarzeń genetycznych, których skutkiem jest ich dywersyfikacja (26, 28, 40, 41, 48). Cechą wspólną wszystkich linii klonalnych jednofazowych szczepów *S. Typhimurium* jest delecja całego lub dużych fragmentów genu *fljB* odpowiedzialnego za ekspresję antygenów drugiej fazy rzęskowej lub regulatorowego genu *hin* (19, 32, 41, 48).

Diagnostyka różnicowa *Salmonella* 1,4,[5],12:i:- i *S. Typhimurium*

Różnice w obrębie genów warunkujących ekspresję antygenów rzęskowych dają możliwość zastosowania metod PCR do identyfikacji szczepów 1,4,[5],12:i:-, *S. Typhimurium* oraz pozostałych serowarów o zbliżonej strukturze antygenowej, takich jak: Lagos (1,4,[5],12:i:1,5), Agama (4,12:i:1,5), Tseviae (4,12:i:e,n,z₁₅), Gloucester (1,4,12,27:i:1,w) i Tumodi (1,4,12:i:z₆) (2, 43). Jedną z proponowanych metod wykorzystuje fakt, że u *S. Typhimurium* i szczepów jednofazowych element insercyjny IS200 występuje w innej lokalizacji niż w przypadku pozostałych wymienionych serowarów. Skutkuje to uzyskaniem w reakcji PCR amplikonu o masie 1000 par zasad (pz), podczas gdy pozostałe serowary cechują się produktem o masie 250 pz. W przypadku *S. Typhimurium* oraz pozostałych serowarów dwufazowych uzyskiwany jest dodatkowo produkt o masie 1389 pz, który świadczy o obecności genu *fljB*. Stosowanie tej metody jest rekomendowane przez ekspertów EFSA jako rutynowe postępowanie przy identyfikacji jednofazowych wariantów *S. Typhimurium* (21). Nie daje ona jednak możliwości różnicowania *S. Farsta* (4,12:i:e,n,x) i *S. Typhimurium*. Rozróżnienie tych serowarów jest możliwe na drodze serotypowania lub przy zastosowaniu kolejnej reakcji PCR, w której wykrywany jest gen odpowiedzialny za ekspresję antygenów kompleksu H:E (e,n,x; e,n,z₁₅; e,h).

Chorobotwórczość jednofazowych szczepów *S. Typhimurium*

Jednoznaczna ocena chorobotwórczości tego wariantu serologicznego jest trudna, a w piśmiennictwie spotyka się często sprzeczne doniesienia. Nie wydaje się jednak, aby jednofazowe szczepy różniły się istot-

nie od „typowych”, dwufazowych wariantów. W obu przypadkach stwierdza się bowiem warunkujący zjadliwość *Salmonella* gen *spvC*, geny inwazyjności *invA* i *invE*, odpowiedzialny za wytwarzanie enterotoksyny gen *stn* oraz gen *pho* wpływający na przeżywalność bakterii w makrofagach (26, 28, 45, 48). Opisano zakażenia wywołane przez *Salmonella* 1,4,[5],12:i:- o przebiegu ostrzejszym niż *S. Typhimurium* (1, 33, 41). Należy też pamiętać o występowaniu u jednofazowych szczepów *S. Typhimurium* oporności na chemioterapeutyki istotne w leczeniu salmonellozy systemowej, takie jak chinolony i cefalosporyny, co może być przyczyną niepowodzeń terapeutycznych (26).

W związku z tym w krajach UE trwają obecnie prace legislacyjne przy udziale Stałego Komitetu ds. Łańcucha Żywnościowego i Zdrowia Zwierząt mające na celu objęcie zwalczaniem u drobiu, obok *S. Typhimurium*, również tego wariantu jednofazowego.

Podsumowanie

Znormalizowana metoda horyzontalna PN-EN ISO 6579:2003/A1:2007 stosowana w weterynaryjnych laboratoriach diagnostycznych umożliwia izolację *Salmonella* 1,4,[5],12:i:-, ale nie zapewnia pełnej identyfikacji serologicznej tego wariantu. W związku z tym programy zwalczania *Salmonella* prowadzone w krajach UE mają lukę stwarzającą zagrożenie dla zdrowia publicznego, gdyż jednofazowe warianty *S. Typhimurium* nie są identyfikowane, a częstość ich występowania u ludzi i zwierząt rośnie. Dlatego też diagnostyka laboratoryjna tego serowaru wymaga zastosowania metod stosowanych w biologii molekularnej. Ze względu na znaczenie epidemiologiczne jednofazowych szczepów *S. Typhimurium*, EFSA zaleca objęcie tego serowaru krajowymi programami zwalczania *Salmonella*, a w przypadku jego wykrycia w stadach drobiu, zastosowanie procedury administracyjnej przewidzianej dla *S. Typhimurium* (21).

Piśmiennictwo

1. Agasan A., Kornblum J., Williams G., Pratt C. C., Fleckenstein P., Wong M., Ramon A.: Profile of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* (subspecies I) serotype 4,5,12:i:- strains causing food-borne infections in New York City. *J. Clin. Microbiol.* 2002, 40, 1924-1929.
2. Amavisit P., Boonyawiwat W., Bangtrakulnont A.: Characterization of *Salmonella enterica* serovar *Typhimurium* and monophasic *Salmonella* serovar 1,4,[5],12:i:- isolates in Thailand. *J. Clin. Microbiol.* 2005, 43, 2736-2740.
3. Anon.: Analysis of the baseline survey on the prevalence of *Campylobacter* in broiler batches and of *Campylobacter* and *Salmonella* on broiler carcasses in the EU, 2008 - Part A: *Campylobacter* and *Salmonella* prevalence estimates EFSA Journal 2010, 8, 1-99.
4. Anon.: Analysis of the baseline survey on the prevalence of *Salmonella* in holdings with breeding pigs in the EU, 2008, Part A: *Salmonella* prevalence estimates. EFSA Journal 2009, 7, 1-93.
5. Anon.: Analysis of the baseline survey on the prevalence of *Salmonella* in slaughter pigs, in the EU, 2006-2007. Part B: Factors associated with *Salmonella* infections in lymphonodes, *Salmonella* surface contamination of carcasses, and the distributions of *Salmonella* serovars. EFSA Journal 2008, 206, 1-111.
6. Anon.: Choroby zakaźne i zatrucia w Polsce w 2009, Państwowy Zakład Higieny, Główny Inspektorat Sanitarny, Warszawa 2010.
7. Anon.: Report of the Task Force on Zoonoses Data Collection on the analysis of the baseline survey on the prevalence of *Salmonella* in turkey flocks, in the EU, 2006-2007. Part A: *Salmonella* prevalence estimates. EFSA Journal 2008, 134, 1-91.
8. Anon.: *Salmonella* in Livestock Production in GB: 2009 Report, Veterinary Laboratory Agency, Weybridge 2010.
9. Anon.: *Salmonella* surveillance: Annual Summary 2006, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta 2008.
10. Anon.: The Community Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents, Antimicrobial Resistance and Foodborne Outbreaks in the European Union in 2008. EFSA Journal 2010, 1496, 1-288.
11. Anon.: The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2009. EFSA Journal 2011, 9, 1-378.
12. Anon.: Zoonoses Report UK 2009, Department for Environment, Food and Rural Affairs, London 2011, pp 1-121.
13. Bone A., Noel H., Le Hello S., Pihier N., Danan C., Raguenaud M. E., Salah S., Bellali H., Vaillant V., Weill F. X., Jourdan-Da Silva N.: Nationwide outbreak of *Salmonella enterica* serotype 4,12:i:- infections in France, linked to dried pork sausage, March-May 2010. *Euro Surveill.* 2010, 15.
14. Bonifield H. R., Hughes K. T.: Flagellar phase variation in *Salmonella enterica* is mediated by a posttranscriptional control mechanism. *J. Bacteriol.* 2003, 185, 3567-3574.
15. Danan C., Fremy S., Moury F., Bohnert M. L., Brisabois A.: Determining the serotype of isolated *Salmonella* strains in the veterinary sector using the rapid slide agglutination test. *J. Reference* 2009, 2, 13-18.
16. Dauga C., Zabrovskaja A., Grimont P. A.: Restriction fragment length polymorphism analysis of some flagellin genes of *Salmonella enterica*. *J. Clin. Microbiol.* 1998, 36, 2835-2843.
17. Dionisi A. M., Graziani C., Lucarelli C., Filetici E., Villa L., Owczarek S., Caprioli A., Luzzi I.: Molecular characterization of multidrug-resistant strains of *Salmonella enterica* serotype *Typhimurium* and monophasic variant (*S.* 4,[5],12:i:-) isolated from human infections in Italy. *Foodborne Pathog. Dis.* 2009, 6, 711-717.
18. Echeita M. A., Aladuena A., Cruchaga S., Usera M. A.: Emergence and spread of an atypical *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serotype 4,5,12:i:- strain in Spain. *J. Clin. Microbiol.* 1999, 37, 3425.
19. Echeita M. A., Herrera S., Usera M. A.: Atypical, fliB-negative *Salmonella enterica* subsp. *enterica* strain of serovar 4,5,12:i:- appears to be a monophasic variant of serovar *Typhimurium*. *J. Clin. Microbiol.* 2001, 39, 2981-2983.
20. Edwards P. R., Bruner D. W.: Notes on monophasic *Salmonella* cultures and their use in the production of diagnostic serums. *J. Bacteriol.* 1946, 52, 493-498.
21. EFSA Panel on Biological Hazards (BIOHAZ): Scientific opinion on monitoring and assessment of public health risk of „*Salmonella Typhimurium*-like” strains. EFSA Journal 2010, 8, 1-44.
22. Grimont P. A. D., Weill F.-X.: Antigenic formulas of *Salmonella* serovars, 9th edition, WHO Collaborating Centre for Research on *Salmonella*, Institute Pasteur, Paris 2007.
23. Guerra B., Soto S. M., Arguelles J. M., Mendoza M. C.: Multidrug resistance is mediated by large plasmids carrying a class 1 integron in the emergent *Salmonella enterica* serotype [4,5,12:i:-]. *Antimicrob. Agents Chemother.* 2001, 45, 1305-1308.
24. Guibourdenche M., Roggentin P., Mikoleit M., Fields P. I., Bockemuhl J., Grimont P. A., Weill F. X.: Supplement 2003-2007 (No. 47) to the White-Kauffmann-Le Minor scheme. *Res. Microbiol.* 2010, 161, 26-29.
25. Hauser E., Huhn S., Junker E., Jaber M., Schroeter A., Helmuth R., Rabsch W., Winterhoff N., Malorny B.: Characterisation of a phenotypic monophasic variant belonging to *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar *Typhimurium* from wild birds and its possible transmission to cats and humans. *Berl. Münch. Tierärztl. Wschr.* 2009, 122, 169-177.
26. Hauser E., Tietze E., Helmuth R., Junker E., Blank K., Prager R., Rabsch W., Appel B., Fruth A., Malorny B.: Pork contaminated with *Salmonella enterica* serovar 4,[5],12:i:-, an emerging health risk for humans. *Appl. Environ. Microbiol.* 2010, 76, 4601-4610.
27. Hendriksen S. W., Orsel K., Wagenaar J. A., Miko A., Van Duijkeren E.: Animal-to-human transmission of *Salmonella Typhimurium* DT104A variant. *Emerg. Infect. Dis.* 2004, 10, 2225-2227.
28. Hopkins K. L., Kirchner M., Guerra B., Granier S. A., Lucarelli C., Porrero M. C., Jakubczak A., Threlfall E. J., Mevius D. J.: Multiresistant *Salmonella enterica* serovar 4,[5],12:i:- in Europe: a new pandemic strain? *Euro Surveill.* 2010, 15, 19580.
29. Kauffmann F.: Monophasic *Salmonella* Cultures for the Preparation of H-Serum. *Acta Path. Microbiol. Scand.* 1965, 63, 261-265.
30. Kilger G., Grimont P. A.: Differentiation of *Salmonella* phase 1 flagellar antigen types by restriction of the amplified *fliC* gene. *J. Clin. Microbiol.* 1993, 31, 1108-1110.

31. Lucarelli C., Dionisi A. M., Torpdahl M., Villa L., Graziani C., Hopkins K., Threlfall J., Caprioli A., Luzzi I.: Evidence for a second genomic island conferring multidrug resistance in a clonal group of strains of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium and its monophasic variant circulating in Italy, Denmark, and the United Kingdom. *J. Clin. Microbiol.* 2010, 48, 2103-2109.
32. Mcquiston J. R., Parrenas R., Ortiz-Rivera M., Gheesling L., Brenner F., Fields P. I.: Sequencing and comparative analysis of flagellin genes *fliC*, *fliJ*, and *flpA* from *Salmonella*. *J. Clin. Microbiol.* 2004, 42, 1923-1932.
33. Mossong J., Marques P., Ragimbeau C., Huberty-Krau P., Losch S., Meyer G., Moris G., Strotner C., Rabsch W., Schneider F.: Outbreaks of monophasic *Salmonella enterica* serovar 4,[5],12:i:- in Luxembourg, 2006. *Euro Surveill.* 2007, 12, 156-158.
34. Peters T., Hopkins K. L., Lane C., Nair S., Wain J., De Pinna E.: Emergence and characterization of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium phage type DT191a. *J. Clin. Microbiol.* 2010, 48, 3375-3377.
35. Phalen D. N., Drew M. L., Simpson B., Roset K., Dubose K., Mora M.: *Salmonella enterica* subsp. *Enterica* in Cattle Egret (*Bubulcus ibis*) chicks from central Texas: prevalence, serotypes, pathogenicity, and epizootic potential. *J. Wildl. Dis.* 2010, 46, 379-389.
36. Pollock K., Locking M., Browning L., A. S.-P., Brownlie S.: Gastro-intestinal and foodborne infections: Laboratory reports for common bacterial, protozoal and viral infections 2009. *HPS Weekly Report* 2010, 44, 38-41.
37. Pornruangwong S., Sriyapai T., Pulsrikarn C., Sawanpanyalert P., Boonmar S., Bangtrakulnonth A.: The epidemiological relationship between *Salmonella enterica* serovar typhimurium and *Salmonella enterica* serovar 4,[5],12:i:- isolates from humans and swine in Thailand. *Southeast Asian J. Trop. Med. Public Health* 2008, 39, 288-296.
38. Scallan E., Griffin P. M., Angulo F. J., Tauxe R. V., Hoekstra R. M.: Foodborne illness acquired in the United States—unspecified agents. *Emerg. Infect. Dis.* 2011, 17, 16-22.
39. Smith N. H., Selander R. K.: Molecular genetic basis for complex flagellar antigen expression in a triphasic serovar of *Salmonella*. *Proc. Nat. Acad. Sci.* 1991, 88, 956-960.
40. Soyer Y., Moreno Switt A., Davis M. A., Maurer J., McDonough P. L., Schoonmaker-Bopp D. J., Dumas N. B., Root T., Warnick L. D., Grohn Y. T., Wiedmann M.: *Salmonella enterica* serotype 4,5,12:i:-, an emerging *Salmonella* serotype that represents multiple distinct clones. *J. Clin. Microbiol.* 2009, 47, 3546-3556.
41. Switt A. I., Soyer Y., Warnick L. D., Wiedmann M.: Emergence, distribution, and molecular and phenotypic characteristics of *Salmonella enterica* serotype 4,5,12:i:-. *Foodborne Pathog. Dis.* 2009, 6, 407-415.
42. Tavechio A. T., Fernandes S. A., Ghilardi A. C., Soule G., Ahmed R., Melles C. E.: Tracing lineage by phenotypic and genotypic markers in *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar 1,4,[5],12:i:- and *Salmonella* Typhimurium isolated in state of Sao Paulo, Brazil. *Mem. Inst. Oswaldo Cruz* 2009, 104, 1042-1046.
43. Tennant S. M., Diallo S., Levy H., Livio S., Sow S. O., Tapia M., Fields P. I., Mikoleit M., Tamboura B., Kotloff K. L., Nataro J. P., Galen J. E., Levine M. M.: Identification by PCR of non-typhoidal *Salmonella enterica* serovars associated with invasive infections among febrile patients in Mali. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2010, 4, e621.
44. Torre de la E., Zapata D., Tello M., Mejia W., Frias N., Garcia Pena F. J., Mateu E. M., Torre E.: Several *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serotype 4,5,12:i:- phage types isolated from swine samples originate from serotype typhimurium DT U302. *J. Clin. Microbiol.* 2003, 41, 2395-2400.
45. Trupschuch S., Laverde Gomez J. A., Ediberidze I., Flieger A., Rabsch W.: Characterisation of multidrug-resistant *Salmonella* Typhimurium 4,[5],12:i:- DT193 strains carrying a novel genomic island adjacent to the *thrW* tRNA locus. *Int. J. Med. Microbiol.* 2010, 300, 279-288.
46. Wasyl D., Hoszowski A.: Występowanie *Salmonella* spp i opornego na metycylinę *Staphylococcus aureus* w stadach hodowlanych świń w Polsce. Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy 2009, 1-56.
47. Winfield M. D., Groisman E. A.: Role of nonhost environments in the lifestyles of *Salmonella* and *Escherichia coli*. *Appl. Environ. Microbiol.* 2003, 69, 3687-3694.
48. Zamperini K., Soni V., Waltman D., Sanchez S., Theriault E. C., Bray J., Maurer J. J.: Molecular characterization reveals *Salmonella enterica* serovar 4,[5],12:i:- from poultry is a variant Typhimurium serovar. *Avian Dis.* 2007, 51, 958-964.

Adres autora: dr Andrzej Hoszowski, Al. Partyzantów 57, 24-100 Puławy;
e-mail: ahosz@piwet.pulawy.pl