

Raport końcowy

w ramach umowy nr 6/4/2/NPZ/2018/1094/119

na realizację zadania 1 „Potwierdzenie podejrzenia albo rozpoznania zakażenia lub choroby zakaźnej - Potwierdzenie prawidłowości określenia serotypów pałeczek *Salmonella* izolowanych od chorych w Polsce”

Działanie 1.1

*Weryfikacja serotypów *Salmonella**

Działanie 1.2

Utworzenie reprezentatywnej kolekcji szczepów



Warszawa, 2020

© Copyright by Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego
– Państwowy Zakład Higieny

Przedruk materiałów w całości lub części możliwy jest wyłącznie za zgodą
Narodowego Instytutu Zdrowia Publicznego – Państwowego Zakładu Higieny.
Cytowanie i wykorzystanie danych empirycznych dozwolone za podaniem źródła

ISBN 978-83-65870-34-6



Zadanie realizowane ze środków Narodowego Programu Zdrowia na lata 2016-2020,
finansowane przez Ministra Zdrowia

Wydawca:



Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego – Państwowy Zakład Higieny
ul. Chocimska 24, 00-791 Warszawa
tel. (22) 54 21 229
e-mail: wydawnictwo@pzh.gov.pl

Autorzy:

dr n. med. **Tomasz Wołkowicz**

dr hab. n. med. i n. o zdr. **Katarzyna Piekarska**

dr n. med. **Katarzyna Zacharczuk**

mgr **Natalia Wolaniuk**

dr n. med. **Magdalena Rzeczkowska**

dr hab. n. med. **Rafał Gierczyński**, prof. NIZP-PZH

Spis treści

Wstęp	5
Działanie 1.1 – weryfikacja serotypów <i>Salmonella</i>	7
Materiały, metody badawcze, wyniki.....	7
Nawiązywanie współpracy z WSSE.....	7
Rok 2018.....	7
Rok 2019.....	8
Ogólna charakterystyka kolekcji izolatów przesłanych przez WSSE	9
Tabela 1. Sumaryczne zestawienie próbek przesłanych do NIZP-PZH w ramach realizacji zadania NPZ.	9
Analiza różnicowania przesłanych serotypów	11
Weryfikacja poprawności serotypowania – sumaryczna analiza	13
Algorytm punktacji i wyniki uzyskane przez WSSE.....	16
Tabela 2. Zestawienie danych dotyczących przesłanych izolatów przez poszczególne WSSE, odsetka rozbieżności identyfikacji oraz wyników uzyskanych przez WSSE zgodnie z zastosowanym algorytmem oceny.....	19
Tabela 3. Wyniki uzyskane przez poszczególne WSSE zarówno w ciągu całego trwania projektu, jak i z rozbiem na poszczególne lata.....	20
Wykres 1. Wizualizacja wyników uzyskanych przez poszczególne WSSE.....	21
Działanie 1.2 – Utworzenie reprezentatywnej kolekcji szczepów.....	22
Interpretacja wyników	23
Wnioski i rekomendacje	25
Załącznik techniczny nr 1. Zestawienie wszystkich izolatów przesłanych do NIZP-PZH w ramach realizacji zadania NPZ.	27
Załącznik techniczny nr 2. Zestawienie przesłanych i zweryfikowanych serotypów z podziałem na WSSE.....	29
Załącznik techniczny nr 3. Szczegółowe zestawienie uzyskanych rozbieżności w oznaczeniu serotypów wraz z analizą potencjalnych przyczyn rozbieżności.	32

Wstęp

Informacja o serotypie tzw. odzwierzęcych pałeczek *Salmonella*, mimo iż nie jest kluczowa dla leczenia zachorowań spowodowanych tym patogenem, to jest niezbędna w nadzorze epidemiologicznym nad salmonellozą. Proces określania serotypu pałeczek *Salmonella* (serotypowanie) prowadzony jest z użyciem schematu White-Kauffmann-Le Minor, wykorzystującego zróżnicowanie antygenów: somatycznego (O), rzęskowego (H) i otoczkowego (Vi) z użyciem rozbudowanego panelu diagnostycznych surowic króliczych. Ze względu na mnogość stosowanych surowic, subiektywny odczyt reakcji aglutynacji i złożoność schematu – serotypowanie pałeczek *Salmonella* jest procesem w dużym stopniu narażonym na błąd ludzki.

W wyniku przeprowadzonej analizy dostępnych danych epidemiologicznych za 2017 rok ^{1,2} prezentujących udział poszczególnych serotypów *Salmonella*, w przypadku Polski zaobserwowano wysoki odsetek szczepów zgłoszonych jako przynależących do serotypu Enteritidis (84,1%), w odniesieniu do średniej europejskiej (49,1%). Co więcej, w Europie notowany jest wysoki odsetek przypadków zakażeń wywołanych przez szczepy jednofazowe o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:- (8%). Tymczasem w Polsce, w 2017 roku zgłoszono jedynie 22 takie szczepy jednofazowe (0,22%). Jak się wydaje rozbieżności te wynikać mogą między innymi z uwarunkowań lokalnych w Polsce (kultura i bezpieczeństwo produkcji żywności, sposób przygotowywania żywności i nawyki żywieniowe), świadcząc tym samym o potrzebie kontynuowania krajowych programów eliminacji wybranych serotypów *Salmonella*. Aczkolwiek ze względu na dotychczasowy brak rutynowej weryfikacji wyników serotypowania szczepów izolowanych od ludzi, nie można też wykluczyć błędnej identyfikacji niektórych serotypów, co przyczyniać się może m.in. do zawyżania liczby rozpoznanych serotypu Enteritidis w Polsce. Wspomniany, wyjątkowo niski odsetek jednofazowych pałeczek *Salmonella* o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:- może na przykład wynikać z błędnej klasyfikacji tych izolatów jako należących do serotypu

¹ EFSA and ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control), 2018. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. EFSA Journal 2018;16(12):5500, 262 pp. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2018.5500>

² Biuletyn „Choroby zakaźne i zatrucia w Polsce w 2017 roku”.
http://wwwold.pzh.gov.pl/oldpage/epimeld/2017/Ch_2017.pdf

Typhimurium

(czyli

o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:1,2).

Laboratorium Zakładu Bakteriologii i ZSB NIZP-PZH potwierdza swoje kompetencje w zakresie serotypowania pałeczek *Salmonella* poprzez uczestnictwo w międzynarodowych sprawdzianach biegłości organizowanych m.in. przez WHO (WHO External Quality Assurance System, EQAS). Certyfikat z wyników uzyskanych w roku 2018, potwierdzający pełną zgodność uzyskanych w Laboratorium wyników, został załączony do raportu. W 2019 roku, Laboratorium Zakładu Bakteriologii NIZP-PZH również uzyskało 100% zgodność wyników – oczekuje na otrzymanie certyfikatu.

Działanie 1.1 – weryfikacja serotypów *Salmonella*

Materiały, metody badawcze, wyniki

Nawiązywanie współpracy z WSSE

Rok 2018

Celem działania była weryfikacja przez NIZP-PZH wyników laboratoryjnych określania serotypów pałeczek *Salmonella* w działach laboratoryjnych Państwowej Inspekcji Sanitarnej (PIS). W ramach działania przewidziano prospektywne zabezpieczenie klonów (duplikatów) szczepów pałeczek *Salmonella* wyosobnionych od ludzi i poddanych serotypowaniu w ramach rutynowej pracy laboratorium PIS. Przedmiotem oceny był zarówno materiał biologiczny (szczep), jak i wynik serotypowania (sprawozdanie z badań) wydany przez laboratorium PIS. Koszty podłoża do przechowywania klonów, jak i ich transportu do NIZP-PZH pokryto ze środków NPZ.

W ramach realizacji działania 1.1 NPZ w roku 2018, w okresie luty – maj zwrócono się z pisemną prośbą o współpracę do dyrektorów 14 Wojewódzkich Stacji Sanitarno-Epidemiologicznych (WSSE). Poszczególne WSSE zostały wybrane na podstawie analizy wyników ankiety, przeprowadzonej w 2017 roku, oceniającej m.in. liczbę wykonywanych badań w zakresie serotypowania *Salmonella*. Umowę precyzującą zasady udziału i współpracy zawarto łącznie z 12 podmiotami. Dwa podmioty odmówiły współpracy.

Ze względu na liczne sygnały dotyczące braku możliwości zrealizowania przez stacje pierwotnie opracowanego przez NIZP-PZH algorytmu zakładającego w przypadku każdego podmiotu zebranie i zabezpieczenie od chorych 20 szczepów o określonym serotypie w ciągu 2 miesięcy, dokonano optymalizacji algorytmu uwzględniając potrzeby i obawy stacji. W związku z tym opracowano nowy algorytm, który zakładał zebranie przez każdy podmiot 10 szczepów w ciągu 2 miesięcy. Dodano również możliwość zabezpieczenia szczepów wyizolowanych od chorych/ozdrowieńców/osób ze styczności.

Do wszystkich podmiotów, z którymi zawarto umowę w roku 2018 wysłano próbówki zawierające podłoże przeznaczone do przechowywania i transportu szczepów (50 probówek / 1 podmiot).

Rok 2019

W ramach realizacji działania 1.1 *Weryfikacja serotypów Salmonella*, po przeanalizowaniu wyników uzyskanych w 2018 roku, w lutym 2019 r. zwrócono się z pisemną prośbą o współpracę do dyrektorów 16 wybranych Wojewódzkich Stacji Sanitarno-Epidemiologicznych (WSSE). Umowę precyzującą zasady udziału i współpracy zawarto łącznie z 14 podmiotami. Ponownie dwa podmioty odmówiły współpracy.

Bazując na doświadczeniach z roku 2018 zachowany został algorytm, który zakładał zebranie przez każdy podmiot 10 szczepów w ciągu 2 miesięcy. Wzorem poprzedniego roku istniała możliwość zabezpieczenia szczepów wyizolowanych od chorych / ozdrowieńców / osób ze styczności.

Tak jak w roku 2018 do wszystkich podmiotów, z którymi zawarto umowę wysłano próbówki zawierające podłoże przeznaczone do przechowywania i transportu szczepów (50 probówek/1 podmiot).

Ogólna charakterystyka kolekcji izolatów przesłanych przez WSSE

W roku 2018 zorganizowano łącznie 4 transporty szczepów z WSSE do NIZP-PZH, w ramach których zebrano, odpowiednio 98, 108, 137 i 160 próbek (sumarycznie 503 próbki). Dwie próbki nadesłane w pierwszym transporcie nie zostały włączone do badań, ponieważ nie posiadały w pełni określonego serotypu, w związku z czym nie spełniały tym samym określonych w programie kryteriów. Ostatecznie do badań w ramach projektu zakwalifikowano więc 501 izolatów.

W toku badań laboratoryjnych okazało się, że w przypadku dwóch próbek nie udało się ożywić przesłanego szczepu (w jednym przypadku przegląd próbki wskazywał na brak śladów posiania szczepu). Pośród pozostałych 499 próbek, w 3 przypadkach stwierdzono obecność szczepu należącego do innego rodzaju niż *Salmonella*.

Podobnie w roku 2019, zorganizowano łącznie 4 transporty szczepów z WSSE do NIZP-PZH, w ramach których zebrano, odpowiednio 111, 129, 159 i 153 próbki. Sumarycznie do badań w ramach projektu zakwalifikowano więc 552 próbki.

W toku badań laboratoryjnych okazało się, że w przypadku 8 próbek stwierdzono obecność szczepu należącego do innego rodzaju niż *Salmonella*, lub przesłany szczep był zanieczyszczony w stopniu uniemożliwiającym izolację właściwego szczepu.

Tabela 1. Sumaryczne zestawienie próbek przesłanych do NIZP-PZH w ramach realizacji zadania NPZ.

	2018	2019	Razem
L. wszystkich próbek	503	552	1055
L. przyjętych próbek	501	552	1053
L. próbek dających wzrost	499	552	1051
L. szczepów <i>Salmonella</i>	496	544	1040
L. szczepów nie- <i>Salmonella</i>	3	8	11
L. próbek bez wzrostu	2	0	2
L. rozbieżności oznaczeń	27	21	48
Odsetek rozbieżności	5,41%	3,8 %	4,57%

W ramach weryfikacji dla każdego szczepu, zgodnie z obowiązującymi w NIZP-PZH procedurami, wykonano testy biochemiczne i serologiczne, co zostało udokumentowane w dwóch rejestrach: "Protokoły wyników badań biochemicznych i antygenowych właściwości gramujemnych pałeczek jelitowych rosnących w warunkach tlenowych formularz PB-01/LEB/ZP/F01" stanowiących książkę (AP) i „Protokoły wyników serologicznej identyfikacji pałeczek z rodzaju *Salmonella* PB-01/LEB/ZP/F02" stanowiących książkę (BP). Dla każdego potwierdzonego szczepu wydano sprawozdanie z uzyskanym przez NIZP-PZH wynikiem (wszystkie sprawozdania przechowywane są w Zakładzie Bakteriologii i ZSB). Dodatkowo, uzyskane wyniki dla każdego podmiotu podsumowano również zbiorczo, aby umożliwić współpracującym WSSE wykorzystanie wyników do celów porównań międzylaboratoryjnych wymaganych w ramach podtrzymania akredytacji PCA celem potwierdzenia kompetencji laboratorium.

Analiza zróżnicowania przesłanych serotypów

Zbiorcza analiza przesłanych izolatów w czasie dwóch lat trwania badań wskazuje, że zdecydowaną większość stanowiły szczepy należące do serotypu Enteritidis (n=726, 68,9%). Przesłano ponadto znaczne ilości szczepów należących do serotypów: Typhimurium (n=90, 8,5%), Infantis (n=61, 5,8%), szczepy jednofazowe 1,4,[5],12:i:- (n=29, 2,8%), Kentucky (n=20, 1,9%), Hadar (n=15, 1,4%) czy Newport (n=13, 1,2%).

Spośród współpracujących w ramach realizacji zadania 14 WSSE sumarycznie największą liczbę szczepów przesłały stacje oznaczone numerem „14” (n=115), „5” (n=101) oraz „13” (n=100). Natomiast najbardziej zróżnicowane były szczepy przesłane przez WSSE oznaczoną numerem „7”, gdyż należały aż do 16 różnych typów serologicznych i wszystkie one zostały potwierdzone w NIZP-PZH. Również WSSE oznaczona numerem „14” przesłało szczepy należące do 16 typów serologicznych, jednakże w tym wypadku potwierdzono jedynie 14 z nich. Różnorodne szczepy przesyłały również WSSE oznaczone numerem „5” (14 serotypów przesłanych, 13 potwierdzonych w NIZP-PZH), WSSE o numerze „12” (12 serotypów przesłanych, 10 potwierdzonych) oraz WSSE o numerze „13” (11 serotypów przesłanych i potwierdzonych).

Z analiz dotyczących stacji, które przesłały najmniejszą liczbę oraz najmniej zróżnicowane izolaty należy wyłączyć WSSE o numerze „4” oraz „10”, gdyż obydwie te stacje uczestniczyły w badaniach jedynie w roku 2019. Spośród pozostałych stacji, zdecydowanie najmniejszą liczbę izolatów przesłała WSSE o numerze „3” (n=50). Dodatkowo były to bardzo mało zróżnicowane izolaty, gdyż należały zaledwie do 4 różnych serotypów, a aż 45 z nich (90%) stanowiły szczepy należące do serotypu Enteritidis.

Wśród izolatów nadesłanych do weryfikacji w roku 2018 zdecydowaną większość stanowiły szczepy należące do serotypu Enteritidis (n=332 próbek, co stanowiło 66,3% wszystkich szczepów). Ponadto, istotny odsetek stanowiły również szczepy należące do serotypów: Typhimurium, Infantis, szczepy jednofazowe 1,4,[5],12:i:- oraz Kentucky.

Spośród współpracujących 2018 roku 12 WSSE największą liczbę próbek przesłały WSSE oznaczone numerami „13” i „14” (po 67 próbek) oraz WSSE nr „5” i „7”

(odpowiednio, 50 i 53 próbki). Co więcej, szczepy przesłane przez WSSE nr „5”, „7” i „14” charakteryzowały się bardzo dużym zróżnicowaniem serotypów. Natomiast, odmienny obraz prezentowały szczepy przesłane przez WSSE o numerach „2”, „3” i „8”, wśród których odsetek szczepów *S. Enteritidis* stanowił odpowiednio 87,5%, 83,3% i 93,3%, co wskazuje na bardzo niski stopień zróżnicowania serotypów przesłanych do badania. Równocześnie były to stacje, które przesłały najmniejszą liczbę (odpowiednio 24, 24 i 30) izolatów.

Również wśród izolatów nadesłanych do weryfikacji w roku 2019 zdecydowaną większość stanowiły szczepy należące do serotypu *Enteritidis* (n=394 próbek, co stanowiło 71,4% wszystkich szczepów). Ponadto, istotny odsetek stanowiły również szczepy należące do serotypów: *Typhimurium*, *Infantis*, szczepy jednofazowe 1,4,[5],12:i:-. Pod tym względem skład najczęściej przesyłanych serotypów nie zmienił się w sposób istotny względem roku 2018.

Spośród współpracujących w roku 2019 14 WSSE, największą liczbę próbek przesłały WSSE o numerach „2”, „5” oraz „14” (odpowiednio 55, 51 i 49 izolatów). Natomiast największe zróżnicowanie przesłanych serotypów obserwowane było wśród izolatów przesłanych przez WSSE nr „5”, „7” oraz „11” (odpowiednio 11, 10 i 10 różnych serotypów). Odmienny obraz prezentowały szczepy przesłane przez WSSE oznaczone numerami „3” (tylko jeden izolat nienależący do serotypu *Enteritidis*) oraz „10” (poza *S. Enteritidis* przesłano jedynie dwa izolaty *S. Virchow*). Równocześnie WSSE nr „3” okazała się stacją, która przesłała najmniejszą liczbę izolatów (n=26).

Weryfikacja poprawności serotypowania – sumaryczna analiza

Prowadzone w NIZP-PZH badania laboratoryjne wykazały, że w przypadku 48 próbek (4,57% wszystkich próbek) wynik identyfikacji w NIZP-ZPH nie zgadzał się z wynikiem identyfikacji uzyskanym w WSSE. W przypadku 11 próbek rozbieżność dotyczyła przynależności przesłanego szczepu do rodzaju innego niż *Salmonella*. Przyczyną tego typu rozbieżności mogło być zanieczyszczenie na etapie przygotowania próbki celem jej przesłania do weryfikacji lub błąd identyfikacji. W przypadku 3 próbek wyhodowano bakterie z rodzaju *Proteus*, a w przypadku dwóch próbek wyhodowano pałeczki *Citrobacter*, co może sugerować błędy na etapie identyfikacji biochemicznej do poziomu gatunku, gdyż obydwie te bakterie wytwarzają siarkowodór (tak jak pałeczki *Salmonella*), mogą wzrastać na stosowanych podłożach selekcyjnych wykazując fenotyp podobny do pałeczek *Salmonella* oraz wykazują zbliżone cechy biochemiczne.

Porównując rok 2019 do roku 2018 odnotowano zdecydowaną poprawę w zgodności wyników uzyskanych w WSSE oraz w NIZP-PZH. W roku 2018 odsetek wyników niezgodnych wynosił aż 5,41% (27 niezgodnych oznaczeń), natomiast w roku 2019 spadł on do 3,8% (21 niezgodnych oznaczeń).

W roku 2018 z 3 próbek nie wyhodowano pałeczek *Salmonella*, natomiast w roku 2019 tego typu niezgodność dotyczyła 8 próbek. Dodatkowo w roku 2019, 6 przesłanych próbek zostało określonych ogólnie „*Salmonella* z gr. B”, mimo iż często na zleceniu było rozpisane wykonane w WSSE serotypowanie, z którego wynikało szczegółowe i często prawidłowe określenie serotypu. Tego typu błąd wynikał więc, nie tyle z błędów w jakości prowadzonego serotypowania, co ze zbyt ostrożnej, ogólnej i niestety w efekcie nieprawidłowej interpretacji uzyskanych przez WSSE własnych, bardziej precyzyjnych wyników. W przypadku WSSE o numerach „4” oraz „13”, szczepy takie były ostatecznie określane jako jednofazowe o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Jednakże w przypadku WSSE o numerze „2” jeden z tak opisanych izolatów okazał się szczepem jednofazowym, zaś drugi został określony jako *Salmonella* Typhimurium.

W ciągu dwu lat realizacji zadania najczęściej obserwowano rozbieżności związane z błędną identyfikacją pałeczek *Salmonella* o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Analiza danych wykazała, że przesłanych zostało 29 izolatów jednofazowych o wzorze

antygenowym 1,4,[5],12:i:-, z czego potwierdzono tę identyfikację dla 28 z nich. Co więcej, dodatkowo zidentyfikowano jeszcze 14 takich szczepów (razem 42 szczepy jednofazowe 1,4,[5],12:i:-). Jednakże dokładne porównanie wyników z roku 2018 i 2019 wskazuje na znaczny progres. W roku 2018 aż 8 z 41 szczepów przesłanych jako *S. Typhimurium* zostało zidentyfikowanych przez NIZP-PZH, jako szczepy jednofazowe o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Tymczasem w roku 2019, poza opisanymi wcześniej szczepami przesłanymi jako „*Salmonella* z gr. B”, jedynie w przypadku dwóch izolatów wykazano bezpośrednio błędną identyfikację w zakresie rozróżnienia między serotypem *Typhimurium*, a szczepem jednofazowym 1,4,[5],12:i:- (jeden szczep błędnie określony jako *S. Typhimurium* oraz również jeden błędnie określony jako szczep jednofazowy).

Największy progres zaobserwowano w przypadku WSSE o numerze „13”. W roku 2018 stacja ta nie przesłała żadnego szczepu jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. W NIZP-PZH natomiast, trzy szczepy oznaczone jako *S. Typhimurium* zostały zidentyfikowane właśnie jako szczepy jednofazowe 1,4,[5],12:i:-. Najprawdopodobniej stacja ta dokonała bardzo wnikliwej analizy wyników i wdrożyła odpowiednie działania korygujące, bowiem w roku 2019 przesłała 4 szczepy jednofazowe o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:- i we wszystkich przypadkach w NIZP-PZH potwierdzono poprawność oznaczenia. Podobnie WSSE o numerze „5”, w roku 2018 przesłała 2 szczepy jednofazowe 1,4,[5],12:i:-, natomiast w NIZP-PZH zidentyfikowano 3 takie szczepy wśród wszystkich przesłanych przez tę stację. W roku 2019 stacja ta przesłała 5 szczepów jednofazowych 1,4,[5],12:i:- i wszystkie one zostały potwierdzone w NIZP-PZH. Także w roku 2018 w przypadku WSSE o numerze „11” odnotowano jedną rozbieżność w identyfikacji szczepów jednofazowych o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:- (łącznie przesłano 8 takich szczepów, jednakże jeden z nich został określony jako *S. Typhimurium*). Natomiast w roku 2019 stacja ta przesłała 4 takie izolaty i wszystkie one zostały potwierdzone w NIZP-PZH. Na uwagę zasługuje również WSSE o numerze „7”, która to stacja w roku 2018 i 2019 przesłała odpowiednio 1 i 3 izolaty jednofazowe i wszystkie one zostały potwierdzone w NIZP-PZH.

Przytoczone wyniki oraz zaobserwowany progres w identyfikacji szczepów jednofazowych o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:- jest bardzo ważny, gdyż szczepy te są bardzo istotne z punktu widzenia epidemiologicznego. Natomiast dane

epidemiologiczne pochodzące z raportów ECDC z poprzednich lat wskazywały na znaczną rozbieżność częstości wykrywania tego typu izolatów w Polsce oraz w innych krajach Unii Europejskiej.

Dla zidentyfikowanych szczepów jednofazowych o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:, uzyskane wyniki potwierdzano stosując technikę molekularną (PCR). Wyniki uzyskane techniką PCR jednoznacznie pozwoliły określić izolaty jako jednofazowe szczepy *Salmonella* Typhimurium, co nie byłoby możliwe przy zastosowaniu jedynie klasycznego schematu serotypowania.

W przypadku 2 stacji tj. WSSE o numerze „3” oraz „6”, przez cały czas trwania projektu nie stwierdzono żadnych rozbieżności pomiędzy identyfikacją serotypu uzyskanym w laboratorium WSSE i Laboratorium Zakładu Bakteriologii i Zwalczania Skażeń Biologicznych NIZP-PZH. Jednakże równocześnie należy mieć na uwadze, że WSSE o numerze „3” przesłała najmniejszą ilość izolatów, w dodatku o najniższym stopniu zróżnicowania (nie licząc 2 stacji, które brały udział w projekcie tylko w roku 2019).

W przypadku WSSE o numerach „5”, „7”, „8” oraz „11” odnotowano jedynie po 2 rozbieżności w identyfikacji serotypów. Natomiast warto zwrócić uwagę, że WSSE o numerach „5” i „7” przesłały relatywnie dużo szczepów (odpowiednio 101 oraz 95). Dodatkowo WSSE o numerach „5”, „7” oraz „11” przesłały szczepy o bardzo wysokim zróżnicowaniu serotypów (odpowiednio 13, 16 i 13 potwierdzonych w NIZP różnych serotypów).

Sumaryczne zestawienie próbek przesłanych do NIZP-PZH w ramach realizacji zadania zostało przedstawione w **tabeli 1**. Dokładny spis wykrytych rozbieżności wraz z ich analizą i wskazaną prawdopodobną przyczyną został zestawiony w tabeli stanowiącej **załącznik techniczny nr 3** niniejszego raportu.

Algorytm punktacji i wyniki uzyskane przez WSSE

Na potrzeby obiektywnego porównania wyników uzyskanych przez poszczególne WSSE, ich aktywności w ramach realizacji projektu oraz poprawności oznaczeń wykorzystano opracowany specjalny **algorytm punktacji** uwzględniający liczbę przesłanych izolatów z rozróżnieniem na:

- szczepy o serotypie Enteritidis: +1 pkt za szczep
- szczepy z innych typów serologicznych: +3 pkt za szczep
- szczepy jednofazowe o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-: +5 pkt za szczep

W przyjętych kalkulacjach odejmowano 10 pkt za każdą wykrytą rozbieżność identyfikacji.

Następnie w oparciu o powyższy algorytm wyliczono wskaźnik (w_s) uzyskanego przez WSSE wyniku w przeliczeniu na pojedynczy przesłany izolat, co pozwoliło na porównanie jakości prowadzonego serotypowania przez WSSE.

W oparciu o wskaźnik przyjęto następujące progi interpretacyjne:

- $w_s = 1,0$ – próg podstawowy – teoretyczny wynik uzyskany dla teoretycznej WSSE, przesyłającej jedynie S. Enteritidis, bez wykrytych błędnych oznaczeń.
- $w_s = 1,6$ – poziom bardzo dobry – teoretyczny wynik uzyskany dla WSSE spełniającej algorytm doboru izolatów w minimalnym stopniu, bez wykrytych błędnych oznaczeń (na wykresie 1 wskaźnik „T-min”).
- $w_s = 2,4$ – poziom idealny – teoretyczny wynik uzyskany dla WSSE spełniającej algorytm doboru izolatów w minimalnym stopniu, bez wykrytych błędnych oznaczeń (na wykresie 1 wskaźnik „T-max”).

Zestawienie danych dotyczących izolatów przesłanych w ciągu całego czasu trwania projektu przez poszczególne WSSE wraz z wyliczonym sumarycznym wynikiem oraz wskaźnikiem (w_s) zostało przedstawione w **tabeli 2** oraz zwizualizowane na **wykresie 1**. Dodatkowo w **tabeli 3** zestawiono wyniki uzyskane przez poszczególne WSSE zarówno w ciągu całego trwania projektu, jak i z rozbiciem na poszczególne lata, co pozwala na analizę porównawczą poszczególnych danych wyników uzyskanych przez każdą WSSE w poszczególnych latach.

Z zestawienia w tabeli 3 wynika, że dwie stacje (WSSE o numerach „3” oraz „6”), w obydwu latach uzyskały pełną zgodność wyników. W przypadku 5 stacji (WSSE o numerach „1”, „7”, „9”, „12” oraz „14”) zaobserwowano znaczny spadek odsetka niezgodnych wyników. W przypadku WSSE nr „1” oraz WSSE nr „12” spadek ten mógł się wiązać z przesłaniem zdecydowanie mniej zróżnicowanych serologicznie szczepów niż w roku 2018 (odpowiednio spadek z 8 na 4 i 11 na 5 różnych typów serologicznych). W przypadku WSSE nr „14” odnotowano co prawda spadek zróżnicowania przesłanych typów serologicznych (z 15 (11 potwierdzonych) na 8), natomiast równocześnie znacznie ograniczony został odsetek wyników niezgodnych (z bardzo słabego wyniku 16,7% wyników niezgodnych w roku 2018 do zaledwie 2% w roku 2019). Natomiast w przypadku WSSE nr „7” oraz „9” znaczący spadek odsetka wyników niezgodnych nastąpił mimo przesłania przez te stacje podobnej ilości izolatów o zbliżonym, wysokim stopniu zróżnicowania serotypów.

Równocześnie w przypadku 4 stacji odnotowano wzrost odsetka wyników niezgodnych w roku 2019 względem roku 2018. Były to WSSE oznaczone numerami „2”, „5”, „8” oraz „13”.

Najbardziej obiektywnych danych dostarcza jednak analiza wyników końcowych oraz wskaźników (w_s) uzyskanych przez WSSE sumarycznie oraz w kolejnych latach. Zdecydowanie najlepsze całkowite wyniki uzyskały WSSE oznaczone numerami „5” ($w_s=1,83$), „11” ($w_s=1,8$), „7” ($w_s=1,72$) oraz „6” ($w_s=1,58$). Są to świetne wyniki świadczące o bardzo wysokiej biegłości personelu tych stacji w serotypowaniu różnorodnych, często trudnych typów serologicznych. Każda z tych stacji uzyskała wysoki wynik końcowy, co potwierdza przesłanie w ramach projektu prawidłowo określonej dużej liczby zróżnicowanych serologicznie izolatów (wyniki odpowiednio 185pkt., 126pkt., 163pkt. i 114pkt.).

Natomiast zdecydowanie najmniej poprawny wynik odnotowała WSSE o numerze „4”. W tym przypadku wynik końcowy wyniósł -12, zaś wskaźnik w_s był równy -0,43. Wartości ujemne wskazują na fakt relatywnie dużej ilości wykrytych niezgodności w porównaniu do przesłanej niewielkiej ilości izolatów o niskim zróżnicowaniu serologicznym. Stacja ta uczestniczyła w programie jedynie w roku 2019, jednak przesłała zaledwie 28 izolatów należących do 5 typów serologicznych (jedynie 4 z nich zostały potwierdzone w NIZP-PZH). Równocześnie odnotowano aż 5 niezgodności oznaczeń serotypu (17,9%).

Kompletna lista serotypów wraz z ogólną liczbą przesłanych izolatów oraz ogólną liczbą izolatów o potwierdzonym i określonym w NIZP-PZH serotypie została zestawiona w tabeli stanowiącej **załącznik techniczny nr 1**. Szczegółowa lista serotypów z rozbiem na poszczególne WSSE została przedstawiona w tabeli stanowiącej **załącznik techniczny nr 2**.

Tabela 2. Zestawienie danych dotyczących przesłanych izolatów przez poszczególne WSSE, odsetka rozbieżności identyfikacji oraz wyników uzyskanych przez WSSE zgodnie z zastosowanym algorytmem oceny.

Nr WSSE	Liczba przesłanych izolatów*	Liczba przesłanych serotypów	Liczba potwierdzonych serotypów**	Odsetek potwierdzonych oznaczeń	Końcowy wynik uzyskany przez WSSE	Wskaźnik (w_s) uzyskany przez WSSE
„1”	78	9	8	92,31%	72	0,92
„2”	79	7	7	96,20%	81	1,03
„3”	50	4	4	100,00%	60	1,20
„4”	28	5	4	82,14%	-12	-0,43
„5”	101	14	13	98,02%	185	1,83
„6”	72	6	6	100,00%	114	1,58
„7”	95	16	16	97,89%	163	1,72
„8”	68	8	7	97,06%	76	1,12
„9”	78	10	9	94,87%	88	1,13
„10”	39	2	2	97,44%	33	0,85
„11”	70	13	13	97,14%	126	1,80
„12”	78	12	10	93,59%	90	1,15
„13”	100	11	11	96,00%	110	1,10
„14”	115	16	14	89,57%	95	0,83

* Tylko próbki dające wzrost

** Tylko liczba serotypów potwierdzonych, bez serotypów określonych w NIZP-PZH

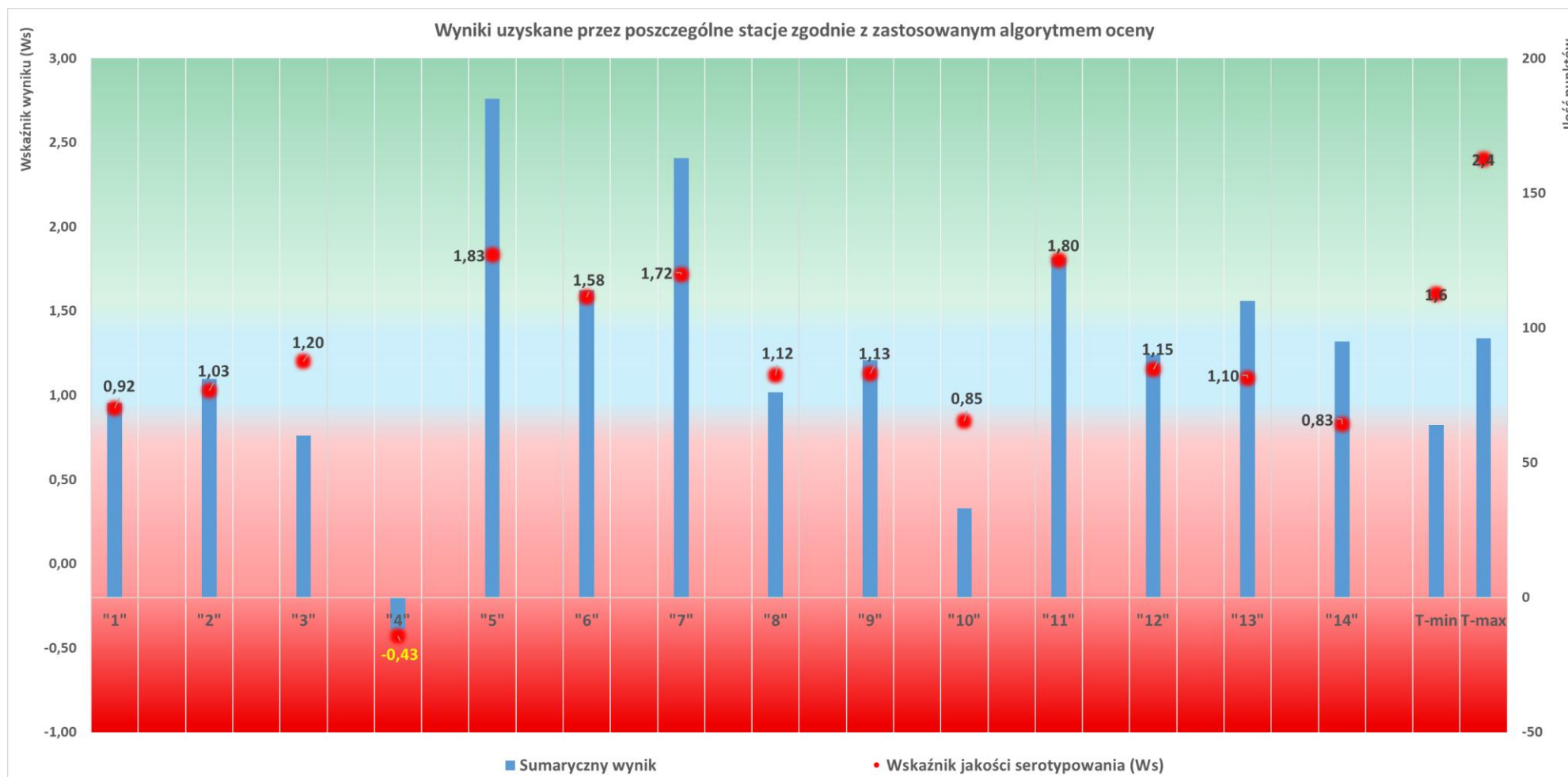
Tabela 3. Wyniki uzyskane przez poszczególne WSSE zarówno w ciągu całego trwania projektu, jak i z rozbiciem na poszczególne lata

Nr WSSE	Liczba przesłanych izolatów*		Liczba przesłanych serotypów		Liczba potwierdzonych serotypów**		Odsetek rozbieżnych oznaczeń		Końcowy wynik uzyskany przez WSSE		Wskaźnik (w _s) uzyskany przez WSSE	
	całkowite		całkowite		całkowite		całkowite		całkowite		całkowite	
	2018	2019	2018	2019	2018	2019	2018	2019	2018	2019	2018	2019
"1"	78		9		8		7,7%		72		0,92	
	42	36	9	5	8	4	9,5%	5,6%	38	34	0,9	0,94
"2"	79		7		7		3,8%		81		1,03	
	24	55	3	6	3	6	0,0%	5,5%	30	51	1,25	0,93
"3"	50		4		4		0,0%		60		1,2	
	24	26	4	2	4	2	0,0%	0,0%	32	28	1,33	1,08
"4"	28		5		4		17,9%		-12		-0,43	
	-	28	-	5	-	4	-	17,9%	-	-12	-	-0,43
"5"	101		14		13		2,0%		185		1,83	
	60	51	10	11	10	11	0,0%	3,9%	110	75	2,2	1,47
"6"	72		6		6		0,0%		114		1,58	
	32	40	5	4	5	4	0,0%	0,0%	48	66	1,5	1,65
"7"	95		16		16		2,1%		163		1,72	
	53	42	11	10	11	10	3,8%	0,0%	83	80	1,57	1,9
"8"	68		8		7		2,9%		76		1,12	
	30	38	3	7	3	6	0,0%	5,3%	34	42	1,13	1,11
"9"	78		10		9		5,1%		88		1,13	
	42	36	8	7	6	7	7,1%	2,8%	42	46	1	1,28
"10"	39		2		2		2,6%		33		0,85	
	-	39	-	2	-	2	-	2,6%	-	33	-	0,85
"11"	70		13		13		2,9%		126		1,8	
	30	40	7	10	7	10	3,3%	2,5%	46	80	1,53	2
"12"	78		12		10		6,4%		90		1,15	
	39	39	11	5	9	5	12,8%	0,0%	31	59	0,79	1,51
"13"	100		11		11		4,0%		110		1,1	
	67	33	7	8	7	8	1,5%	9,1%	85	25	1,27	0,76
"14"	115		16		14		10,4%		95		0,83	
	66	49	15	8	11	8	16,7%	2,0%	17	75	0,26	1,53

* Tylko próbki dające wzrost

** Tylko liczba serotypów potwierdzonych, bez serotypów określonych w NIZP-PZH

Wykres 1. Wizualizacja wyników uzyskanych przez poszczególne WSSE.



Działanie 1.2 – Utworzenie reprezentatywnej kolekcji szczepów

Celem działania było długookresowe zabezpieczenie szczepów *Salmonella* poddanych weryfikacji w trakcie realizacji działania 1.1 i ich opisanie w wykazie celem archiwizacji danych.

Wszystkie potwierdzone serologicznie szczepy (n=1040) zostały zabezpieczone na odpowiednich podłożach i weszły w skład kolekcji szczepów znajdującej się w Zakładzie Bakteriologii i Zwalczania Skażeń Biologicznych NIZP-PZH. Dla skolekcjonowanych szczepów prowadzony jest wykaz „Kolekcja szczepów *Salmonella* nadesłanych w ramach realizacji NPZ – 2018 i 2019”. W wykazie tym znajdują się takie informacje jak: numer NIZP-PZH, oznaczenie WSSE, identyfikacja WSSE, identyfikacja NIZP-PZH, informacja od kogo wyizolowany został szczep, która stacja przesłała izolat, data izolacji, miejsce zamieszkania, płeć, wiek i objawy osoby od której wyizolowano szczep i rozpoznanie. Wykaz uzupełniono także o dodatkowe informacje, w tym: wykonane testy zaraportowane przez WSSE, testy które nie zostały zaraportowane przez WSSE a powinny być wykonane oraz testy, które dały wyniki niezgodne.

Interpretacja wyników

Przeprowadzone badania oraz zebrane dane pozwalają na zrozumienie jaki wpływ na obraz sytuacji epidemiologicznej zakażeń o etiologii *Salmonella* może mieć w Polsce jakość wyników badań uzyskiwanych w laboratoryjnych PIS.

W trakcie przeprowadzonej oceny, łącznie 95,43% oznaczeń serotypu *Salmonella* w laboratoriach PIS zostało potwierdzone w laboratorium NIZP-PZH. Jednakże w ocenianych stacjach odsetek potwierdzeń wahał się od 100% do zaledwie 82,14%. Udział wyników niepotwierdzonych w NIZP-PZH (rozbieżnych) przekraczający wartość średnią rozbieżności równą 4,57% stwierdzono w przypadku WSSE oznaczonych numerami „4” (17,86% rozbieżnych wyników, wyniki tylko z 2019 roku), „14” (10,43% rozbieżnych wyników), „1” (7,69% rozbieżnych wyników), „12” (6,41% rozbieżnych wyników) oraz „9” (5,13% rozbieżnych wyników). Znaczna ilość wykrywanych rozbieżności w wynikach serotypowania widoczna jest także w osiągniętym przez te stacje wskaźniku (w_s) w przeliczeniu na 1 izolat, odpowiednio -0,43; 0,8; 0,92; 1,15 i 1,13.

W całości projektu jedynie w przypadku dwóch WSSE nie odnotowano ani jednej rozbieżności serotypowania. WSSE o numerze „6” osiągnęło ten wynik przesyłając umiarkowaną liczbę szczepów ($n=72$) należących do 6 różnych typów serologicznych, co również należy uznać za wynik przeciętny. Wśród izolatów przesłanych przez tę stację nie było niestety ani jednego szczepu jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Wzorowy wynik osiągnięty przez WSSE o numerze „3” również należy interpretować przez pryzmat nadesłanych szczepów. Stacja ta przesłała najmniej, gdyż jedynie 50 izolatów, w dodatku należących jedynie do 4 serotypów (z czego zdecydowaną większość stanowiły szczepy *S. Enteritidis*). Ma to swoje odzwierciedlenie w osiągniętym umiarkowanym wskaźniku (w_s) w przeliczeniu na 1 izolat równym 1,2.

Na uwagę zasługują bardzo dobre wyniki uzyskane przez WSSE o numerach „5”, „7” oraz „11”. Mimo, iż w przypadku każdej z tych stacji w ciągu trwania projektu odnotowano po dwie rozbieżności to równoległe stacje te przesłały bardzo duże liczby (odpowiednio 101, 95 i 70) bardzo zróżnicowanych serologicznie izolatów. Warto

zwrócić uwagę również na fakt, że wśród nadesłanych izolatów znajdowały się również liczne trudne w identyfikacji szczepy jednofazowe o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:- (odpowiednio 7, 4 i 12 takich izolatów). Wskazuje to na bardzo rzetelne i odważne podejście do współpracy w ramach projektu, a także dowodzi bardzo wysokiej umiejętności serotypowania nawet trudnych pałeczek *Salmonella*. Ma to odzwierciedlenie w osiągniętych wskaźnikach (w_s) w przeliczeniu na 1 izolat, wynoszących odpowiednio 1,83; 1,72 oraz 1,8.

W przypadku WSSE o numerze „5”, jeden błąd dotyczył właśnie błędnej identyfikacji trudnych szczepów jednofazowych o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:- (szczep błędnie określony jako *S. Typhimurium*), zaś drugi błąd mógł być, jak się wydaje, wynikiem pomyłki podczas przesyłania izolatu.

W przypadku WSSE o numerze „11” jeden błąd dotyczył przesłania szczepu nienależącego do rodzaju *Salmonella*, co mogło być spowodowane zanieczyszczeniem przygotowanej próbki. Tymczasem drugi błąd, również dotyczył błędnej identyfikacji szczepu jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-, który to szczep okazał się być dwufazową *S. Typhimurium*, co mogło wynikać z nieskutecznego zahamowania pierwszej fazy. Jednakże w przypadku niektórych izolatów wykazujących bardzo silną I fazę, uzyskanie II fazy bywa trudne i mogą być one błędnie zakwalifikowane jako szczepy jednofazowe.

Również niezgodności wykryte w przypadku WSSE o numerze „7” wydają się nie wynikać z błędów w stosowanej procedurze serotypowania. Jeden z błędów dotyczył bowiem niewykrycia w próbce pałeczki z rodzaju *Salmonella*, co mogło być wynikiem zanieczyszczenia próbki. Natomiast drugi błąd dotyczył, zidentyfikowania szczepu posiadającego całkowicie inny zestaw antygenów somatycznych i rzęskowych, co sugeruje pomylenie szczepów i przesłanie niewłaściwego izolatu w ramach projektu.

Wnioski i rekomendacje

Wyniki przeprowadzonej oceny poprawności wyników serotypowania szczepów *Salmonella*:

1. Wykazały brak w stacjach sanitarno – epidemiologicznych szczepów izolowanych od chorych, co wskazuje na brak należytego nadzoru nad serotypowaniem szczepów *Salmonella* izolowanych od chorych w Polsce. W sytuacji, gdy szpitale nie przekazują szczepów celem weryfikacji do stacji sanitarno – epidemiologicznych, to w przypadku szczepów oznaczonych w toku identyfikacji wyłącznie do grupy serologicznej brak jest możliwości określenia serotypu.

Ze względu na powyższe, wskazane wydaje się szczegółowe przeanalizowanie informacji zgłaszanych na formularzu ZLB celem ustalenia dokładności określenia grupy serologicznej / serotypu dokonywanego przez szpitalne laboratoria.

2. Przeprowadzone badania pilotażowe w latach 2018 – 2019 w ramach Działania 1.1 Narodowego Programu Zdrowia przyczyniły się do poprawy jakości pracy stacji sanitarno – epidemiologicznych wykazując jednocześnie, że większość uczestniczących podmiotów realizuje poprawnie swoje zadania w zakresie serotypowania szczepów *Salmonella*. Należy podkreślić, że uczestniczące w programie podmioty wykazywały się szczególnym zaangażowaniem o czym świadczy wysoki współczynnik poprawnie wykonanych oznaczeń (95,43%). Przeprowadzony pilotaż nie wykazał rażących uchybień.

Przeprowadzony pilotaż wyraźnie wskazuje także na potrzebę:

1. Szkolenia personelu stacji sanitarno – epidemiologicznych w zakresie występowania jednofazowych szczepów o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:- oraz wynikającej z tego faktu konieczności przyjmowania wyniku ujemnego aglutynacji z surowicą H2 za wynik akceptowalny;

2. Udziału stacji sanitarno – epidemiologicznych w międzylaboratoryjnych badaniach biegłości w zakresie serotypowania zróżnicowanych antygenowo szczepów *Salmonella* z uwzględnieniem jednofazowych szczepów o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-, w celu stałego szkolenia personelu laboratoryjnego i weryfikacji uzyskiwanych wyników oraz sprawdzenia poprawności stosowanych procedur diagnostycznych.

Załącznik techniczny nr 1. Zestawienie wszystkich izolatów przesłanych do NIZP-PZH w ramach realizacji zadania NPZ.

Serotyp	przesłane	%	potwierdzone w PZH	określone w PZH
Enteritidis	726	68,9%	710	712
Typhimurium	90	8,5%	79	81
Infantis	61	5,8%	60	61
1,4,[5],12:i:-	29	2,8%	28	42
Kentucky	20	1,9%	19	20
Hadar	15	1,4%	15	19
Newport	13	1,2%	11	12
Schleissheim	10	0,9%	10	10
Agona	9	0,9%	8	8
Derby	9	0,9%	9	10
Kottbus	5	0,5%	4	4
Virchow	5	0,5%	4	4
Brandenburg	4	0,4%	4	6
Indiana	4	0,4%	4	4
Mbandaka	4	0,4%	2	3
Abony	3	0,3%	3	4
Coeln	3	0,3%	3	3
Albany	2	0,2%	1	1
Bareilly	2	0,2%	2	2
London	2	0,2%	2	2
Oranienburg	2	0,2%	2	2
Tennessee	2	0,2%	2	2
Thompson	2	0,2%	2	2
Alamo	1	0,1%	0	0
Aledaide	1	0,1%	1	1
Anatum	1	0,1%	1	1
Bardo	1	0,1%	1	1
Bovismorbificans	1	0,1%	1	1
Chester	1	0,1%	0	0
Fresno	1	0,1%	0	0
Hillingdon	1	0,1%	0	0
Istanbul	1	0,1%	0	0
Litchfield	1	0,1%	1	1
Livingstone	1	0,1%	1	1
Napoli	1	0,1%	1	1
Oakland	1	0,1%	1	1
Ohio	1	0,1%	1	1
Poona	1	0,1%	1	1

Serotyp	przesłane	%	potwierdzone w PZH	określone w PZH
Preston	1	0,1%	1	1
Rubislaw	1	0,1%	1	1
Sandiego	1	0,1%	1	1
Senftenberg	1	0,1%	1	2
Singapore	1	0,1%	1	2
Sinstorf	1	0,1%	1	1
Stanley	1	0,1%	1	2
Tshiongwe	1	0,1%	1	1
Typhi	1	0,1%	1	1
4,12:b:-	1	0,1%	0	0
Braenderup	0	0,0%	0	2
Ekotedo	0	0,0%	0	1
Glostrup	0	0,0%	0	1
Wien	0	0,0%	0	1
gr. B	6	0,6%	0	0

Załącznik techniczny nr 2. Zestawienie przesłanych i zweryfikowanych serotypów z podziałem na WSSE.

	WSSE "1"		WSSE "2"		WSSE "3"		WSSE "4"	
L. przyjętych próbek	78		79		50		28	
L. próbek dających wzrost	78		79		50		28	
L. szczepów Salmonella	76		78		50		27	
L. szczepów nie-Salmonella	2		1		0		1	
L. agarków bez wzrostu	0		0		0		0	
L. rozbieżności oznaczeń	6		3		0		5	
Odsetek błędu	7,69%		3,80%		0,00%		17,86%	
Serotypy (przesłane/potwierdzone):	przesłane	potwierdzone	przesłane	potwierdzone	przesłane	potwierdzone	przesłane	potwierdzone
Enteritidis	53	53 (54)	63	62	45	45	23	20
Typhimurium	12	8	7	7 (8)	1	1		
Infantis	4	4	1	1	2	2		
1,4,[5],12:i:-	2	2 (5)	0	0 (1)			0	0 (1)
Kentucky	2	1						
Hadar			3	3				
Newport			1	1				
Schleissheim								
Agona								
Derby	1	1			2	2	1	1
Kottbus								
Virchow								
Brandenburg	2	2					0	0 (2)
Indiana							1	1
Mbandaka								
Abony			1	1				
Coeln								
Albany								
Bareilly								
London								
Oranienburg								
Tennessee								
Thompson								
Alamo							1	0
Aledaide			1	1				
Anatum								
Bardo								
Bovismorbificans								
Chester								
Fresno								
Hillingdon	1	0						
Istanbul								
Litchfield								
Livingstone								
Napoli								
Oakland	1	1						
Ohio								
Poona								
Preston								
Rubislaw								
Sandiego								
Senftenberg							1	1 (2)
Singapore								
Sinstorf								
Stanley								
Tshiongwe								
Typhi								
4,12:b:-								
Braenderup								
Ekotedo								
Glostrup								
Wien								
gr. B			2	0			1	0

	WSSE "5"		WSSE "6"		WSSE "7"		WSSE "8"		WSSE "9"	
L. przyjętych próbek	101		72		95		68		79	
L. próbek dających wzrost	101		72		95		68		78	
L. szczepów Salmonella	101		72		94		67		77	
L. szczepów nie-Salmonella	0		0		1		1		1	
L. agarków bez wzrostu	0		0		0		0		1	
L. rozbieżności oznaczeń	2		0		2		2		4	
Odsetek błędów	1,98%		0,00%		2,11%		2,94%		5,13%	
Serotypy (przesłane/potwierdzone):	przesłane	potwierdzone	przesłane	potwierdzone	przesłane	potwierdzone	przesłane	potwierdzone	przesłane	potwierdzone
Enteritidis	56	55	51	51	55	54 (55)	54	53	53	52
Typhimurium	13	12	12	12	13	13	5	5	7	6
Infantis	10	10	5	5	8	7	2	2	7	7 (8)
1,4,[5],12:i:-	7	7 (8)			4	4			0	0 (1)
Kentucky	3	3					1	1	4	4
Hadar	1	1 (2)			1	1			0	0 (1)
Newport	2	2			2	2			1	1
Schleissheim			1	1	3	3				
Agona	1	0	2	2	1	1	1	1		
Derby							3	3		
Kottbus					1	1			1	0
Virchow	1	1							2	1
Brandenburg					1	1				
Indiana					1	1				
Mbandaka										
Abony										
Coeln	2	2			1	1				
Albany										
Bareilly	1	1								
London							1	1		
Oranienburg	2	2								
Tennessee										
Thompson	1	1								
Alamo										
Aledaide										
Anatum									1	1
Bardo										
Bovismorbificans			1	1						
Chester										
Fresno										
Hillingdon										
Istanbul										
Litchfield										
Livingstone	1	1								
Napoli										
Oakland										
Ohio					1	1				
Poona										
Preston					1	1				
Rubislaw					1	1				
Sandiego					1	1				
Senftenberg										
Singapore										
Sinstorf										
Stanley										
Tshiongwe										
Typhi									1	1
4,12:b:-							1	0		
Braenderup										
Ekotedo										
Glostrup										
Wien							0	0 (1)		
gr. B										

	WSSE "10"		WSSE "11"		WSSE "12"		WSSE "13"		WSSE "14"	
L. przyjętych próbek	39		70		78		100		116	
L. próbek dających wzrost	39		70		78		100		115	
L. szczepów Salmonella	38		69		78		100		113	
L. szczepów nie-Salmonella	1		1		0		0		2	
L. agarków bez wzrostu	0		0		0		0		1	
L. rozbieżności oznaczeń	1		2		5		4		12	
Odsetek błędu	2,56%		2,86%		6,41%		4,00%		10,43%	
Serotypy (przesłane/potwierdzone):	przesłane	potwierdzone	przesłane	potwierdzone	przesłane	potwierdzone	przesłane	potwierdzone	przesłane	potwierdzone
Enteritidis	37	36	44	43	47	47	79	78	65	62
Typhimurium			3	3 (4)	6	6	2	2	9	4
Infantis			2	2	10	10	3	3	7	7
1,4,[5],12:i:-			12	11			4	4 (7)	0	0 (4)
Kentucky			1	1	1	1			8	8 (9)
Hadar			1	1					9	9 (11)
Newport					1	1 (2)			5	4
Schleissheim					4	4	2	2		
Agona					1	0	2	2	1	1
Derby			1	1	0	0 (1)				
Kottbus							1	1	2	2
Virchow	2	2								
Brandenburg			1	1						
Indiana					1	1			1	1
Mbandaka					3	1	1	1	0	0 (1)
Abony			1	1	1	1				
Coeln										
Albany					2	1				
Bareilly			1	1						
London									1	1
Oranienburg										
Tennessee									2	2
Thompson			1	1						
Alamo										
Aledaide										
Anatum										
Bardo			1	1						
Bovismorbificans										
Chester									1	0
Fresno					1	0				
Hillingdon										
Istanbul									1	0
Litchfield							1	1		
Livingstone										
Napoli							1	1		
Oakland										
Ohio										
Poona			1	1						
Preston										
Rubislaw										
Sandiego										
Senftenberg										
Singapore							1	1 (2)		
Sinstorf									1	1
Stanley									1	1 (2)
Tshiongwe									1	1
Typhi										
4,12:b:-										
Braenderup						0 (2)				
Ekotedo						0 (1)				
Glostrup									0	0 (1)
Wien										
gr. B							3	0		

Załącznik techniczny nr 3. Szczegółowe zestawienie uzyskanych rozbieżności w oznaczeniu serotypów wraz z analizą potencjalnych przyczyn rozbieżności.

Rok 2018

Nr szczepu	Identyfikacja WSSE	Identyfikacja NIZP-PZH
	Prawdopodobna przyczyna rozbieżności wyników	
NPZ 2/18	S. Albany	S. Newport
	<p>Szczep prawidłowo zakwalifikowany do grupy somatycznej C2-C3. Jednakże szczep nie aglutynował z surowicą Hz₂₄ (co stwierdzono w WSSE), natomiast aglutynował z surowicą Heh, Hh oraz H2, co pozwoliło go zakwalifikować do serotypu Newport. Pełna diagnostyka S. Albany powinna jeszcze zawierać weryfikację antygeny somatycznego O6 oraz ewentualnie także O20 (brak informacji o takich aglutynacjach na zleceniu badania), co dopiero pozwoliłoby jednoznacznie różnicować S. Albany od S. Duesseldorf. Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu, albo błędnie odczytana aglutynacja z relatywnie rzadko używaną surowicą Hz₂₄.</p>	
NPZ 3/18	S. Fresno	S. Ekotedo
	<p>Szczep prawidłowo zakwalifikowano do grupy somatycznej D2 (O9, O46). Jednakże szczep nie aglutynował z surowicą Hz₃₈ (co stwierdzono w WSSE) natomiast aglutynował z surowicą Hz_{4,Z23} oraz z surowicą Hz₂₃, co pozwoliło go zakwalifikować do serotypu Ekotedo. Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu, albo błędnie odczytana aglutynacja z relatywnie rzadko używaną surowicą Hz₃₈.</p>	
NPZ 5/18	S. Mbandaka	S. Braenderup
	<p>Szczep prawidłowo zakwalifikowany do grupy somatycznej C1. Szczep faktycznie aglutynował z surowicami Henx, Heh oraz Hz₁₅. Jednakże szczep nie aglutynował z surowicą Hz₁₀ (co stwierdzono w WSSE), natomiast aglutynował z surowicą Hh, co pozwoliło go zakwalifikować do serotypu Braenderup. Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu, albo błędnie odczytana aglutynacja z relatywnie rzadko używaną surowicą Hz₁₀, połączona z aglutynacją szczepu ze wszystkimi surowicami zawierającymi czynnik e (Heh, Henx).</p>	
NPZ 21/18	S. Enteritidis	S. Singapore
	<p>Serotypy Enteritidis i Singapore należą do zupełnie innej grupy somatycznej i mają zupełnie inny wzór antygenowy. S. Enteritidis posiada wzór antygenowy <u>1</u>,9,12:gm:-. Natomiast S. Singapore posiada wzór antygenowy 6,7:k:enz₁₅. Wydaje się, że przyczyną rozbieżności w identyfikacji było przesłanie niewłaściwego izolatu.</p>	

NPZ 51/18	S. Kottbus	S. Hadar
	<p>Szczep prawidłowo zakwalifikowany do grupy somatycznej C2.</p> <p>Szczep faktycznie aglutynował z surowicami Henx, Heh. Jednakże szczep nie aglutynował z surowicą Hh oraz H5 (co stwierdzono w WSSE), natomiast aglutynował z surowicami Hn, Hx oraz Hz₁₀, co pozwoliło go zakwalifikować do serotypu Hadar.</p> <p>Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu, albo problem z niektórymi stosowanymi w identyfikacji surowicami diagnostycznymi.</p>	
NPZ 59/18	S. Enteritidis	Citrobacter amalonaticus
	<p>Najprawdopodobniej przesłany zły izolat.</p> <p>Szczep <i>S. Enteritidis</i> najprawdopodobniej był zanieczyszczony szczepem <i>C. amalonaticus</i>. Szczepy pałeczek <i>Citrobacter</i> często posiadają identyczną morfologię kolonii co szczepy pałeczek <i>Salmonella</i> na takich podłożach mikrobiologicznych jak podłoże MacConkey, czy podłoże SS, co mogła być przyczyną błędu przy przesyłaniu szczepu.</p>	
NPZ 82/18	S. Newport	S. Hadar
	<p>Szczep prawidłowo zakwalifikowany do grupy somatycznej C2.</p> <p>Szczep faktycznie aglutynował z surowicami Henx, Heh. Jednakże szczep nie aglutynował z surowicą Hh oraz H2 (co stwierdzono w WSSE), natomiast aglutynował z surowicami Hn, Hx oraz Hz₁₀, co pozwoliło go zakwalifikować do serotypu Hadar.</p> <p>Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu, albo problem z niektórymi stosowanymi w identyfikacji surowicami diagnostycznymi. Szczególnie mylący mógł być wspólny antygen He, występujący zarówno w pierwszej jak i drugiej fazie rzęskowej.</p>	
NPZ 83/18	S. Typhimurium	Salmonella Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	<p>Szczep określony w WSSE jako <i>S. Typhimurium</i>. Jednakże w NIZP-PZH, mimo kilkukrotnego hamowania ze stopniowo zwiększaną ilością surowicy, nie udało się uzyskać drugiej fazy (H2), co pozwoliło na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-.</p> <p>Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella Typhimurium</i>.</p>	
NPZ 89/18	S. Enteritidis	S. Stanley
	<p>Serotypy Enteritidis i Stanley należą do zupełnie innej grupy somatycznej i mają zupełnie inny wzór antygenowy. <i>S. Enteritidis</i> posiada wzór antygenowy 1,9,12:gm:-. Natomiast <i>S. Stanley</i> posiada wzór antygenowy 1,4,[5],12,[27]:d:1,2.</p> <p>Wydaje się, że przyczyną rozbieżności w identyfikacji było przesłanie niewłaściwego izolatu.</p>	
NPZ 91/18	S. Typhimurium	Salmonella Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	<p>Szczep prawidłowo określony w WSSE jako <i>S. Typhimurium</i>. Jednakże w NIZP-PZH, mimo kilkukrotnego hamowania ze stopniowo zwiększaną ilością surowicy, nie udało się uzyskać drugiej fazy (H2), co pozwoliło na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-.</p> <p>Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella Typhimurium</i>.</p>	

NPZ 93/18	S. Enteritidis	S. Kentucky
	Serotypy Enteritidis i Kentucky należą do zupełnie innej grupy somatycznej i mają zupełnie inny wzór antygenowy. <i>S. Enteritidis</i> posiada wzór antygenowy 1,9,12:gm:-. Natomiast <i>S. Kentucky</i> posiada wzór antygenowy 8,20:i:z ₆ . Wydaje się, że przyczyną rozbieżności w identyfikacji było przestanie niewłaściwego izolatu.	
NPZ 145/18	S. Istanbul	S. Hadar
	Szczep określony prawidłowo w zakresie określenia antygenu rzęskowego (z10:enx). Szczep faktycznie aglutynował z surowicą CO oraz O8, jednakże dodatkowo aglutynował z surowicą O6. Zgodnie z informacjami w WSSE prowadzono aglutynację z surowicą O6,7, która dała wynik ujemny. Uzyskane w NIZP-PZH wyniki aglutynacji pozwoliły określić badany szczep jako <i>S. Hadar</i> . Przyczyną rozbieżności w identyfikacji było najprawdopodobniej zastosowanie źle działającej surowicy O6,7. W NIZP-PZH stosowana była również nowa surowica O6,7, która aglutynowała jedynie szczepy z antygenem somatycznym O6,7 (grupa C1), lecz nie aglutynowała szczepów z antygenem O6,8 (grupa C2). Świadczyło to o braku składowej O6 we wspomnianej surowicy diagnostycznej i z tego powodu została ona zareklamowana do producenta. Najprawdopodobniej surowica ta wcześniej została wypuszczona na rynek i została już wdrożona do diagnostyki w laboratoriach, co może powodować wspomniane wyżej błędne oznaczenia serotypu.	
NPZ 148/18	S. Typhimurium	Salmonella Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	Szczep prawidłowo określony w WSSE jako <i>S. Typhimurium</i> . Jednakże w NIZP-PZH, mimo kilkukrotnego hamowania ze stopniowo zwiększaną ilością surowicy, nie udało się uzyskać drugiej fazy (H2), co pozwoliło na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella Typhimurium</i> .	
NPZ 154/18	S. Mbandaka	S. Braenderup
	Szczep prawidłowo zakwalifikowany do grupy somatycznej C1. Szczep faktycznie aglutynował z surowicami Henx, Heh oraz Hz ₁₅ . Jednakże szczep nie aglutynował z surowicą Hz ₁₀ (co stwierdzono w WSSE), natomiast aglutynował z surowicą Hh, co pozwoliło go zakwalifikować do serotypu Braenderup. Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przestanie niewłaściwego izolatu, albo błędnie odczytana aglutynacja z relatywnie rzadko używaną surowicą Hz ₁₀ , połączona z aglutynacją szczepu ze wszystkimi surowicami zawierającymi czynniki e (Heh, Henx).	
NPZ 191/18	S. Virchow	S. Infantis
	Szczep prawidłowo zakwalifikowany do grupy somatycznej C1. Dodatkowo prawidłowo został oznaczony antygen rzęskowy pierwszej fazy Hr. Jednakże szczep nie aglutynował z surowicą H2, natomiast aglutynował z surowicą H5 (odwrotny wzór aglutynacji niż odnotowany w WSSE). Z tej przyczyny szczep został określony jako <i>S. Infantis</i> . Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przestanie niewłaściwego izolatu, albo pomylenie surowic podczas aglutynacji szczepu.	

NPZ 217/18	S. Agona	S. Derby
	<p>Szczep prawidłowo zakwalifikowany do grupy somatycznej B. Dodatkowo prawidłowo został oznaczony antygen rzęskowy pierwszej fazy Hf,g.</p> <p>Jednakże, mimo wielu prób, szczep nie aglutynował z surowicą Hs (co stwierdzono w stacji WSSE). Z tej przyczyny szczep został określony jako S. Debry.</p> <p>Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu, albo problem z surowicami diagnostycznymi.</p>	
NPZ 250/18	S. Chester	S. Abony
	<p>Szczep prawidłowo zakwalifikowany do grupy somatycznej B.</p> <p>Szczep faktycznie aglutynował z surowicami Henx, Heh. Jednakże szczep nie aglutynował z surowicą Hh (co stwierdzono w WSSE), natomiast aglutynował z surowicą Hb, co pozwoliło go zakwalifikować do serotypu Abony.</p> <p>Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu, albo problem z niektórymi stosowanymi w identyfikacji surowicami diagnostycznymi. Szczególnie mylący mógł być wspólny antygen He, występujący zarówno w pierwszej jak i drugiej fazie rzęskowej.</p>	
NPZ 251/18	Salmonella Typhimurium (szczep jednofazowy)	Salmonella Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	<p>Na zleceniu badania szczep został opisany jako Typhimurium. Na dołączonej karteczce z wewnętrznym wynikiem oznaczenia szczepu widniała jednak adnotacja „Salmonella Typhimurium (szczep jednofazowy)”. Jest to wynik spójny do tego otrzymanego w NIZP-PZH, jednakże nie całkiem poprawny merytorycznie.</p> <p>Wg danych z WSSE, szczep aglutynował z surowicami HM, OB, Hi, natomiast nie aglutynował z surowicami H2, H5 i H6. Brak informacji, czy było prowadzone hamowanie z surowicą Hi, w celu uwidocznienia rzęsek II fazy. Dodatkowo brakuje informacji dotyczących wykluczenia obecności antygenów enx, enz₁₅, lw oraz z₆. W związku z tym, nie sprawdzono przynależności szczepu do serotypów Farsta, Tsevie, Gloucester i Tumodi.</p> <p>Dodatkowo, w przypadku szczepów jednofazowych klasyczne serotypowanie pozwala jedynie na określenie wzoru antygenowego. Dopiero pełny wzór antygenowy pozwala na określenie serotypu. Dlatego też w przypadku szczepów jednofazowych nie można jednoznacznie określić szczepu jako „<i>Salmonella</i> Typhimurium (szczep jednofazowy)”. Wynik taki może być wydany jedynie po przeprowadzeniu odpowiednich testów molekularnych.</p> <p>Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella</i> Typhimurium.</p>	
NPZ 255/18	S. Tshiongwe	S. Glostrup
	<p>Szczep prawidłowo zakwalifikowany do grupy somatycznej C2.</p> <p>Szczep faktycznie aglutynował z surowicami Henx, Heh oraz HZ₁₅. Natomiast po hamowaniu z surowicą HZ₁₅ aglutynował z surowicą HZ₁₀. Pozwoliło to zakwalifikować szczep do serotypu Glostrup.</p> <p>Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu, albo problem z niektórymi stosowanymi w identyfikacji surowicami diagnostycznymi. Szczególnie mylący mógł być wspólny antygen He, występujący zarówno w pierwszej jak i drugiej fazie rzęskowej serotypu Tshiongwe.</p>	

NPZ 283/18	S. Infantis	S. Enteritidis
	Serotypy Infantis i Enteritidis należą do zupełnie innej grupy somatycznej i mają zupełnie inny wzór antygenowy. S Enteritidis posiada wzór antygenowy 1,9,12:gm:-. Natomiast S. Infantis posiada wzór antygenowy 6,7,14:r:1,5. Wydaje się, że przyczyną rozbieżności w identyfikacji było przestanie niewłaściwego izolatu.	
NPZ 303/18	S. Typhimurium	Salmonella Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	Szczep określony w WSSE jako S. Typhimurium. Jednakże w NIZP-PZH, mimo kilkukrotnego hamowania ze stopniowo zwiększającą ilością surowicy, nie udało się uzyskać drugiej fazy (H2), co pozwoliło na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella</i> Typhimurium.	
NPZ 386/18	S. Enteritidis	Nie wyhodowano pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i>
	Szczep zanieczyszczony. Nie uzyskano wzrostu pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i> na podłożach selektywnych. Szczep wyhodowany na podłożach nieselektywnych nie należał do rodzaju <i>Salmonella</i> .	
NPZ 408/18	S. Typhimurium	Salmonella Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	Szczep określony w WSSE jako S. Typhimurium. Jednakże w NIZP-PZH, mimo kilkukrotnego hamowania ze stopniowo zwiększającą ilością surowicy, nie udało się uzyskać drugiej fazy (H2), co pozwoliło na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella</i> Typhimurium.	
NPZ 428/18	S. Typhimurium	Salmonella Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	Szczep określony w WSSE jako S. Typhimurium. Jednakże w NIZP-PZH, mimo kilkukrotnego hamowania ze stopniowo zwiększającą ilością surowicy, nie udało się uzyskać drugiej fazy (H2), co pozwoliło na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella</i> Typhimurium.	
NPZ 430/18	S. Hillingdon	S. Enteritidis
	Szczep posiadał prawidłowo określony antygen rzęskowy (antygen Hgm w pierwszej fazie rzęskowej i brak antygeny drugiej fazy). Ponadto potwierdzono aglutynację szczepu z antygenem somatycznym DO oraz O9. Jednakże nie uzyskano aglutynacji z antygenem somatycznym O46 (co stwierdzono w stacji WSSE), natomiast uzyskano aglutynację z surowicą O12. Wyniki te jednoznacznie klasyfikują badany izolat do grupy somatycznej D1. Przyczyną rozbieżności mógł być delikatnie szorstki fenotyp izolatu, który mógł wpływać na wyniki oznaczeń aglutynacji z surowicami diagnostycznymi. Możliwe również, że do badania przesłany został niewłaściwy izolat.	

NPZ 432/18	S. Typhimurium	Salmonella Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	<p>Szczep określony w WSSE jako S. Typhimurium. Jednakże w NIZP-PZH, mimo kilkukrotnego hamowania ze stopniowo zwiększającą ilością surowicy, nie udało się uzyskać drugiej fazy (H₂), co pozwoliło na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-.</p> <p>Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella</i> Typhimurium.</p>	
NPZ 447/18	S. Enteritidis	Nie wyhodowano pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i>
	<p>Z badanej próbki nie wyhodowano pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i> na podłożach silnie selektywnych. Na podłożu MacConkey wyhodowano pałeczki z rodzaju <i>Pseudomonas</i>.</p>	

Rok 2019

Nr szczepu	Identyfikacja WSSE	Identyfikacja NIZP-PZH
	Prawdopodobna przyczyna rozbieżności wyników	
NPZ 26/19	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> , szczep jednofazowy 4,12:b:-	S. Wien
	<p>Szczep prawidłowo zakwalifikowany do grupy somatycznej O:4 oraz prawidłowo określono pierwszą fazę rzęskową H:b. W NIZP-PZH uzyskano jednak drugą fazę rzęskową H:l,w co pozwoliło zakwalifikować szczep do serotypu Wien.</p> <p>Przyczyną rozbieżności mogło być niewłaściwie przeprowadzone hamowanie 1 fazy rzęskowej lub niepełna identyfikacja rzęsek 2 fazy pomijająca aglutynację z surowicą H:l,w.</p>	
NPZ 142/19	<i>Salmonella</i> z gr. B	<i>Salmonella</i> Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	<p>Szczep niedokładnie określony przez WSSE, gdyż poprawnie określono jedynie przynależność do grupy somatycznej O:4 (grupa B). Dokładniejsze badania przeprowadzone w NIZP-PZH pozwoliły na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-.</p> <p>Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella</i> Typhimurium.</p>	
NPZ 164/19	S. Typhimurium	<i>Proteus</i> sp.
	<p>Szczep zanieczyszczony bądź niewłaściwie zidentyfikowany biochemicznie. Bakterie z rodzaju <i>Proteus</i> potrafią wzrastać na podłożach selektywnych stosowanych w diagnostyce <i>Salmonella</i>. Co więcej wykazują szereg podobnych cech biochemicznych takich jak np. wytwarzanie siarkowodoru, co upodabnia je fenotypowo na tychże podłożach do pałeczek <i>Salmonella</i>.</p> <p>W jednym transporcie z tej stacji aż dwa szczepy zostały zakwalifikowane jako <i>Proteus</i> sp. Może to świadczyć o kontaminacji laboratorium tymi bakteriami lub nieprawidłowo prowadzonej diagnostyce biochemicznej.</p>	

NPZ 172/19	S. Kentucky	<i>Proteus</i> sp.
	<p>Szczep zanieczyszczony bądź niewłaściwie zidentyfikowany biochemicznie. Bakterie z rodzaju <i>Proteus</i> potrafią wzrastać na podłożach selektywnych stosowanych w diagnostyce <i>Salmonella</i>. Co więcej wykazują szereg podobnych cech biochemicznych takich jak np. wytwarzanie siarkowodoru, co upodabnia je fenotypowo na tychże podłożach do pałeczek <i>Salmonella</i>.</p> <p>W jednym transporcie z tej stacji aż dwa szczepy zostały zakwalifikowane jako <i>Proteus</i> sp. Może to świadczyć o kontaminacji laboratorium tymi bakteriami lub nieprawidłowo prowadzonej diagnostyce biochemicznej.</p>	
NPZ 173/19	S. Alamo	S. Brandenburg
	<p><i>Salmonella</i> Alamo należy do grupy somatycznej O:7 i posiada antygeny rzęskowe H: g,z51 (1 faza) oraz H:1,5 (2 faza). Jednakże w NIZP-PZH przesłany szczep został określony jako S. Brandenburg, który to serotyp należy do grupy somatycznej O:4 i posiada antygeny rzęskowe H:l,v (1 faza) i H:e,n,z15 (2 faza).</p> <p>Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu albo kontaminacja laboratorium i w efekcie również przesłanych próbek, gdyż aż 3 próbki z tego transportu z tego laboratorium zostały określone w NIZP-PZH jako S. Brandenburg.</p>	
NPZ 177/19	S. Enteritidis	S. Brandenburg
	<p><i>Salmonella</i> Enteritidis należy do grupy somatycznej O:9 i posiada antygeny rzęskowe H: g,m (1 faza) bez rzęsek 2 fazy. Jednakże w NIZP-PZH przesłany szczep został określony jako S. Brandenburg, który to serotyp należy do grupy somatycznej O:4 i posiada antygeny rzęskowe H:l,v (1 faza) i H:e,n,z15 (2 faza).</p> <p>Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu albo kontaminacja laboratorium i w efekcie również przesłanych próbek, gdyż aż 3 próbki z tego transportu z tego laboratorium zostały określone w NIZP-PZH jako S. Brandenburg.</p>	
NPZ 178/19	S. Enteritidis	S. Brandenburg
	<p><i>Salmonella</i> Enteritidis należy do grupy somatycznej O:9 i posiada antygeny rzęskowe H: g,m (1 faza) bez rzęsek 2 fazy. Jednakże w NIZP-PZH przesłany szczep został określony jako S. Brandenburg, który to serotyp należy do grupy somatycznej O:4 i posiada antygeny rzęskowe H:l,v (1 faza) i H:e,n,z15 (2 faza).</p> <p>Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu albo kontaminacja laboratorium i w efekcie również przesłanych próbek, gdyż aż 3 próbki z tego transportu z tego laboratorium zostały określone w NIZP-PZH jako S. Brandenburg.</p>	
NPZ 230/19	S. Enteritidis	S. Hadar
	<p><i>Salmonella</i> Enteritidis należy do grupy somatycznej O:9 i posiada antygeny rzęskowe H: g,m (1 faza) bez rzęsek 2 fazy. Jednakże w NIZP-PZH przesłany szczep został określony jako S. Hadar, który to serotyp należy do grupy somatycznej O:8 i posiada antygeny rzęskowe H:z10 (1 faza) i H:e,n,x (2 faza).</p> <p>Przyczyną rozbieżności w identyfikacji mogło być przesłanie niewłaściwego izolatu, co jest tym bardziej prawdopodobne, iż w tym samym transporcie z tego laboratorium przesłano również szczep serotypu Hadar.</p>	

NPZ 268/19	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> ; szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-	S. Typhimurium
	Szczep przesłany jako jednofazowy o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Tymczasem w laboratorium NIZP-PZH udało się skutecznie zahamować 1 fazę rzęskową i uzyskać aglutynację z surowicą H:2 (2 faza), co pozwoliło zakwalifikować szczep do serotypu Typhimurium. Przyczyną rozbieżności była najprawdopodobniej nieskuteczna procedura konwersji faz. Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako <i>Salmonella</i> Typhimurium.	
NPZ 307/19	<i>Salmonella</i> z gr. B	<i>Salmonella</i> Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	Szczep niedokładnie określony przez WSSE, gdyż poprawnie określono jedynie przynależność do grupy somatycznej O:4 (grupa B). Dokładniejsze badania przeprowadzone w NIZP-PZH pozwoliły na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella</i> Typhimurium.	
NPZ 310/19	<i>Salmonella</i> z gr. B	<i>Salmonella</i> Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	Szczep niedokładnie określony przez WSSE, gdyż poprawnie określono jedynie przynależność do grupy somatycznej O:4 (grupa B). Dokładniejsze badania przeprowadzone w NIZP-PZH pozwoliły na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella</i> Typhimurium.	
NPZ 342/19	S. Enteritidis	Citrobacter sp.
	Szczep zanieczyszczony bądź niewłaściwie zidentyfikowany biochemicznie. Bakterie z rodzaju <i>Citrobacter</i> sp. potrafią wzrastać na podłożach selektywnych stosowanych w diagnostyce <i>Salmonella</i> . Co więcej wykazują szereg podobnych cech biochemicznych takich jak np. wytwarzanie siarkowodoru, co upodabnia je fenotypowo na tychże podłożach do pałeczek <i>Salmonella</i> .	
NPZ 367/19	S. Typhimurium	Nie wyhodowano pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i>
	Szczep zanieczyszczony. Nie uzyskano wzrostu pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i> na stosowanych podłożach hodowlanych mimo kilkukrotnych prób posiewania z próbki wyjściowej na różne podłoża.	
NPZ 415/19	S. Enteritidis	Nie wyhodowano pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i>
	Szczep zanieczyszczony. Nie uzyskano wzrostu pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i> na stosowanych podłożach hodowlanych mimo kilkukrotnych prób posiewania z próbki wyjściowej na różne podłoża.	

NPZ 416/19	<i>Salmonella</i> z gr. B	S. Typhimurium
	Szczep niedokładnie określony przez WSSE, gdyż poprawnie określono jedynie przynależność do grupy somatycznej O:4 (grupa B). Dokładniejsze badania przeprowadzone w NIZP-PZH pozwoliły na określenie szczepu jako przynależącej do serotypu Typhimurium.	
NPZ 421/19	<i>Salmonella</i> z gr. B	<i>Salmonella</i> Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	Szczep niedokładnie określony przez WSSE, gdyż poprawnie określono jedynie przynależność do grupy somatycznej O:4 (grupa B). Dokładniejsze badania przeprowadzone w NIZP-PZH pozwoliły na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella</i> Typhimurium.	
NPZ 464/19	S. Enteritidis	Nie wyhodowano pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i>
	Szczep zanieczyszczony. Nie uzyskano wzrostu pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i> na stosowanych podłożach hodowlanych mimo kilkukrotnych prób posiewania z próbki wyjściowej na różne podłoża.	
NPZ 494/19	S. Enteritidis	<i>Proteus</i> sp.
	Szczep zanieczyszczony bądź niewłaściwie zidentyfikowany biochemicznie. Bakterie z rodzaju <i>Proteus</i> potrafią wzrastać na podłożach selektywnych stosowanych w diagnostyce <i>Salmonella</i> . Co więcej wykazują szereg podobnych cech biochemicznych takich jak np. wytwarzanie siarkowodoru, co upodabnia je fenotypowo na tychże podłożach do pałeczek <i>Salmonella</i> .	
NPZ 539/19	S. Typhimurium	<i>Salmonella</i> Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	Szczep określony w WSSE jako S. Typhimurium. Jednakże w NIZP-PZH, mimo kilkukrotnego hamowania ze stopniowo zwiększającą ilością surowicy, nie udało się uzyskać drugiej fazy (H2), co pozwoliło na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella</i> Typhimurium.	
NPZ 541/19	S. Enteritidis	Nie wyhodowano pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i>
	Szczep zanieczyszczony. Nie uzyskano wzrostu pałeczek z rodzaju <i>Salmonella</i> na stosowanych podłożach hodowlanych mimo kilkukrotnych prób posiewania z próbki wyjściowej na różne podłoża.	
NPZ 553/19	<i>Salmonella</i> z gr. B	<i>Salmonella</i> Typhimurium, szczep jednofazowy 1,4,[5],12:i:-
	Szczep niedokładnie określony przez WSSE, gdyż poprawnie określono jedynie przynależność do grupy somatycznej O:4 (grupa B). Dokładniejsze badania przeprowadzone w NIZP-PZH pozwoliły na określenie szczepu jako jednofazowego o wzorze antygenowym 1,4,[5],12:i:-. Badanie molekularne (PCR) pozwoliło określić badany szczep jako jednofazowy szczep <i>Salmonella</i> Typhimurium.	