



Istituto Zooprofilattico Sperimentale
del Lazio e della Toscana *M. Aleandri*

RAPPORTO REGIONALE SULLA SORVEGLIANZA DELLE RETI ENTER-NET ED ENTER-VET

TRIENNIO 2018-2020

***Centro di riferimento
Regionale per gli
Enterobatteri Patogeni***

A cura di:

Maria Laura De Marchis, Silvia Vita, Maria Grazia Marrocco, Emilia Rasile, Valeria Russini, Carlo Corradini, Paola De Santis, Tatiana Bogdanova, Sarah Lovari, Gina Di Giampietro, Stefano Bilei e Teresa Bossù

SOMMARIO

IL CENTRO DI RIFERIMENTO REGIONALE PER GLI ENTEROBATTERI PATOGENI (CREP)

..... 3

Deliberazioni e riconoscimenti3

Attività di laboratorio4

Attività di sorveglianza5

SALMONELLA TRIENNIO 2018-2020..... 7

Salmonella di origine umana7

Salmonella di origine veterinaria.....15

Salmonella negli animali19

Salmonella negli alimenti20

**LISTERIA MONOCYTOGENES TRIENNIO
2018 - 2020..... 26**

Listeria monocytogenes di origine umana
.....26

Listeria monocytogenes di origine
veterinaria.....30

Listeria monocytogenes da alimenti e
animali30

Listeria monocytogenes in isolamenti
ambientali31

**YERSINIA ENTEROCOLITICA TRIENNIO
2018-202032**

Yersinia enterocolitica di origine
umana.....32

Yersinia enterocolitica di origine
veterinaria.....33

CAMPYLOBACTER TRIENNIO 2018-2020....34

Campylobacter di origine umana34

Campylobacter di origine veterinaria ...35

**ESCHERICHIA COLI STEC TRIENNIO 2018-
202036**

Escherichia coli STEC di origine
umana.....36

Escherichia coli STEC di origine
veterinaria.....36

**APPENDICE: DATI DALL'EUROPA. IL
RAPPORTO EFSA/ECDC 2019 SULLE
ZONOSI37**

SALMONELLA40

LISTERIA.....44

ESCHERICHIA COLI STEC46

YERSINIA48

CAMPYLOBACTER.....50

IL CENTRO DI RIFERIMENTO REGIONALE PER GLI ENTEROBATTERI PATOGENI (CREP)

Deliberazioni e riconoscimenti

L'Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Lazio e della Toscana "M. Aleandri" (IZSLT) è stato individuato dalla Giunta Regionale del Lazio con Delibera n. 883 del 20 febbraio 1996, quale Centro di Riferimento Regionale per gli Enterobatteri Patogeni, ed in particolare per le Salmonelle di origine animale, ambientale e umana.

Con successiva Deliberazione della Giunta Regionale n. 4259 del 4 agosto 1998 è stata confermata l'individuazione dell'IZSLT quale Laboratorio Regionale di Riferimento per la Salmonella e ne sono stati definiti gli specifici compiti secondo il sistema di sorveglianza Enter-Net, ossia:

- Ricevere e tipizzare gli isolati batterici provenienti dalle strutture di ricovero pubbliche e private;
- Inviare le risposte relative alle tipizzazioni ai singoli laboratori e fornire loro il supporto scientifico necessario;
- Fornire i dati all'Osservatorio Epidemiologico Regionale;
- Tenere i rapporti con l'Istituto Superiore di Sanità, per garantire i livelli nazionali e internazionali della sorveglianza;
- Conservare i ceppi batterici, ricevuti ai fini di sorveglianza.

A seguito del Decreto del Commissario ad Acta del 29 settembre del 2015, n. U00452 del Piano Regionale per la Sorveglianza e la Gestione di Emergenze infettive durante il Giubileo Straordinario 2015-2016, l'IZSLT è stato individuato quale Laboratorio di riferimento regionale per le tossinfezioni alimentari, con particolare riguardo a Salmonella di provenienza umana, animale e ambientale ed è stato avviato un rapporto di collaborazione con il Servizio Regionale per l'Epidemiologia, Sorveglianza e Controllo delle Malattie Infettive (SERESMI). In virtù delle competenze riconosciute dal suddetto decreto per la diagnosi di patogeni correlati alle tossinfezioni alimentari/MTA, a partire dal 2016 l'attività del centro si è estesa alla caratterizzazione di isolati umani di *Listeria monocytogenes* conferiti da numerose strutture sanitarie pubbliche della Regione Lazio.

Con nota rilasciata in data 16 novembre 2017 dal Dipartimento di Sicurezza Alimentare, Nutrizione e Sanità Pubblica Veterinaria dell'Istituto Superiore di Sanità, in virtù delle competenze tecnico scientifiche e della consolidata attività svolta viene riconosciuto il

compito del Centro di Riferimento Regionale per gli Enterobatteri Patogeni che risulta funzionale e coerente a quanto previsto dalla nota ministeriale del Ministero della Salute (DGPRES-00008252) del 13 marzo 2017 avente come oggetto la “Sorveglianza e prevenzione della Listeriosi”.

Con il Decreto del Commissario ad Acta del 25 maggio 2018, n. U00209, in riferimento al Piano regionale della prevenzione 2014-2019, la centralizzazione di conferma diagnostica microbiologica di patogeni correlati alle tossinfezioni alimentari/MTA ed in particolare di *Salmonella* di provenienza umana, animale e ambientale operata presso l'IZSLT, è stata prorogata fino al 2019.

Con la Determinazione Regionale n. G06447 del 28 maggio 2021 l'IZSLT è stato formalmente individuato come Laboratorio di riferimento Regionale per le MTA e come Laboratorio Regionale di riferimento dei seguenti patogeni a trasmissione alimentare di origine umana: *Listeria*, *Campylobacter*, *Escherichia coli* STEC, *Yersinia*, *Vibrio* e *Shigella*.

Attività di laboratorio

Il CREP rappresenta un'articolazione dell'Unità Operativa Semplice (UOS) Controllo Ufficiale, Centro Regionale per gli enterobatteri patogeni ed afferisce alla Direzione Operativa UOC “Microbiologia degli Alimenti” dell'IZSLT (Regolamento di organizzazione interna dell'IZSLT-Delibera CdA n. 8, 11/11/2017). Presso il CREP si eseguono prove di sierotipizzazione con metodica di sieroagglutinazione rapida di isolati clinici e veterinari (alimentari, ambientali e animali) di *Salmonella*, *Yersinia enterocolitica*, *Shigella*, *L. monocytogenes* ed *E. coli*. Alla medesima Direzione Operativa afferisce anche il laboratorio di “Biotecnologia Applicata agli Alimenti”. Presso tale struttura si eseguono prove di tipizzazione molecolare di *Salmonella* e di caratterizzazione dei geni di patogenicità di *E. coli*, inclusi gli *E. coli* produttori di shiga-tossine (VTEC) o portatori di altri fattori di patogenicità quali ETEC, EPEC, DAEC, EIEC ed *E. coli* entero-aggregativi (EAEC), di *Y. enterocolitica* e di *Vibrio* patogeni. Si esegue inoltre la ricerca dei geni codificanti per le tossine stafilococciche e botuliniche e l'identificazione di specie batteriche con metodiche in PCR e di sequenziamento diretto (Sanger). A partire dal 2019 è stata avviata l'attività di sequenziamento in NGS (Next Generation Sequencing) dei genomi degli isolati batterici pervenuti al CREP (in particolare di *L. monocytogenes*, *Salmonella* spp ed *E. coli* STEC) e l'analisi bioinformatica dei risultati ottenuti per:

- confermare o approfondire i risultati delle prove di tipizzazione (es: determinazione *in silico* dei sierogruppi e dei sierotipi di appartenenza)
- condurre analisi a scopo epidemiologico (es: ricerca di cluster epidemici, costruzione di alberi filogenetici).

Attività di sorveglianza

Il CREP partecipa alle attività delle reti di sorveglianza di laboratorio Enter-Net ed Enter-Vet. La rete Enter-Net (Enteric Pathogen Network) Italia è coordinata dal Dipartimento di Malattie Infettive dell'Istituto Superiore di Sanità, e raccoglie i ceppi e le informazioni epidemiologiche e microbiologiche relative agli isolamenti di *Salmonella*, *Campylobacter*, *Shigella*, *Yersinia*, *Vibrio* e di altri patogeni enterici di origine umana. La rete di sorveglianza Enter-Vet è coordinata dal Centro di Referenza Nazionale per le salmonellosi dell'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie e ha l'obiettivo di raccogliere gli isolati e i dati a livello nazionale relativi agli isolamenti di *Salmonella* spp. da campioni di origine veterinaria (alimenti, animali, ambiente e acqua).

I ceppi identificati come appartenenti al genere *Salmonella* spp. sia di origine umana che veterinaria sono trasferiti al Laboratorio di Riferimento Nazionale (NRL-AR) e Centro di Referenza Nazionale per l'Antibiotico-resistenza (CRN-AR) individuato presso l'IZSLT, per la determinazione dei fattori di resistenza. I risultati relativi agli antibiogrammi dei ceppi di origine umana sono restituiti al sistema di sorveglianza Enter-Net.

Per quanto riguarda *Listeria monocytogenes*, il CREP rappresenta il punto di contatto per l'IZSLT con:

il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria* di Teramo (IZSAM), a cui invia tutti gli isolati di origine alimentare, successivamente allo svolgimento delle attività di caratterizzazione previste e all'alimentazione del sistema informativo SEAP (Sorveglianza Epidemiologica Agenti Patogeni di origine alimentare);

l'Operational Contact Point dell'ECDC per la listeriosi presso l'Istituto Superiore di Sanità, per la caratterizzazione e l'invio degli isolati umani ricevuti da ospedali e laboratori pubblici e privati della Regione Lazio;

il SERESMI (Servizio Regionale per l'Epidemiologia, Sorveglianza e controllo delle Malattie Infettive) per lo scambio rapido di informazioni inerenti i nuovi casi di Listeriosi notificati dai presidi ospedalieri della Regione Lazio.

A partire dal 2019, la UOC Microbiologia degli Alimenti, la UOS Diagnostica e caratterizzazione molecolare, Laboratorio di Riferimento Nazionale (NRL-AR) e Centro di Referenza Nazionale per l'Antibiotico-resistenza (CRN-AR) (UOC Diagnostica Generale) e la UOC Osservatorio Epidemiologico dell'IZSLT, hanno avviato una collaborazione volta alla caratterizzazione molecolare fine, tramite sequenziamento in NGS e alla georeferenziazione di tutti gli isolati umani e alimentari di *L. monocytogenes* e di *E. coli* STEC. Tale attività, esplicitata nel progetto di Ricerca Corrente "Modello per la caratterizzazione di agenti

patogeni a trasmissione alimentare e interscambio dati di tipizzazione molecolare in ottica "One-Health", approvato dal Ministero della Salute per il biennio 2019/20, ha il duplice scopo di ottenere, in tempo reale, informazioni sui cluster molecolari associati a sospetti focolai epidemici di *L. monocytogenes* ed *E. coli* STEC nella Regione Lazio e di alimentare il database IRIDA, interfacciato direttamente con la piattaforma di analisi bioinformatica dei dati di genomica Aries, gestiti dall'ISS.

SALMONELLA TRIENNIO 2018-2020

Salmonella di origine umana

Complessivamente i ceppi di *Salmonella* notificati al sistema Enter-Net sono stati 400 nel 2018 (399 per il Lazio ed 1 per la Toscana), 415 nel 2019 (374 per il Lazio e 41 per la Toscana) e 373 nel 2020 (337 per il Lazio e 36 per la Toscana) (**Grafico 1**).

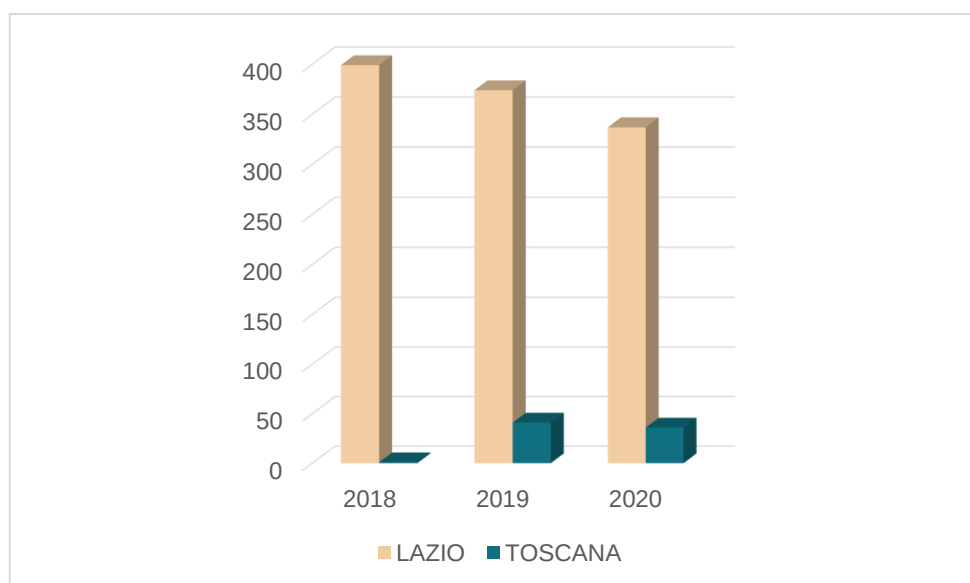


Grafico 1- Numero degli isolati umani di *Salmonella* nel triennio 2018-2020, in relazione alla regione di provenienza.

I ceppi di *Salmonella* sono stati isolati principalmente presso strutture ospedaliere, service di laboratorio e laboratori privati della Regione Lazio nella zona di Roma e provincia (**Tabella 1**). Grazie all'attività delle Unità Operative Territoriali (UOT) dell'IZSLT dislocate sul territorio del Lazio e della Toscana è stato possibile recuperare isolati nelle province di Rieti, Latina, Viterbo, Livorno, Pisa e Pistoia (**Tabella 2**). Le matrici biologiche più frequentemente positive sono risultate le feci ed il sangue (**Grafico 4**).

Strutture ospedaliere/laboratori Regione Lazio	2018	2019	2020
Ospedale Coniugi Bernardini - Palestrina (RM)	8	2	2
Polo Ospedaliero di Genzano di Roma E. De Santis (RM)	8	19	6
Policlinico Umberto I (RM)	27	25	17
Policlinico Tor Vergata (RM)	-	1	1
Policlinico Casilino (RM)	1	3	4
Policlinico Campus Biomedico (RM)	3	2	1
Policlinico A. Gemelli (RM)	28	25	27
Ospedale San Camillo de Lellis di Rieti	-	5	6
Ospedale Sandro Pertini (RM)	15	9	6
Ospedale San Pietro Fatebenefratelli (RM)	8	1	3
Ospedale San Giovanni Addolorata (RM)	1	3	2
Ospedale San Filippo Neri (RM)	21	13	5
Ospedale San Camillo Forlanini (RM)	11	18	10
Ospedale S. Eugenio (RM)	14	17	13
Ospedale S. Andrea (RM)	11	4	5
Ospedale S. Maria Goretti (LT)	1	8	12
Ospedale Madre Giuseppina Vannini (RM)	4	3	-
Ospedale L. Parodi Delfino di Colferro (RM)	-	5	1
Ospedale G.B. Grassi di Ostia (RM)	12	10	4
Ospedale di Formia (LT)	1	-	-
Ospedale di Acquapendente (VT)	3	8	5
Ospedale Civile di Tarquinia (VT)	-	-	2
Ospedale di Belcolle (VT)	-	4	6
Ospedale Bambino Gesù (RM)	43	52	47
Ospedale San Giovanni Evangelista -Tivoli (RM)	-	1	-
Ospedale San Carlo (RM)	-	-	2
Salvator Mundi International Hospital (RM)	1	1	1
INMI L. Spallanzani (RM)	9	3	1
IFO Istituto Dermatologico San Gallicano (RM)	-	-	1
Fondazione S. Lucia (RM)	1	-	-
Casa di Cura Villa Margherita (RM)	-	1	-
Casa di Cura Ars Medica (RM)	1	-	-
Aurelia Hospital (RM)	2	2	1
Laboratorio Villa del Lido Medical House (RM)	1	-	-
Laboratorio Santa Bonora (RM)	1	-	-
Laboratorio Proda (RM)	1	3	4
Laboratorio Namur (RM)	2	1	1
Laboratorio Marilab (RM)	10	-	-
Laboratorio Iris (RM)	-	1	-
Laboratorio Gamma (RM)	2	1	-

Laboratorio G. Alessandrini (RM)	1	2	1
Laboratorio Dott. G. Bugliosi - Albano (RM)	1	-	3
Laboratorio CD Monteverde (ex Lab. Pizzo-Salvatori) (RM)	1	-	-
Laboratorio Casella (RM)	-	2	1
Laboratorio C.G.H. (RM)	5	-	-
Laboratorio Biorama 77 (RM)	-	1	-
Laboratorio Biolab (RM)	2	2	5
Laboratorio Axalab (RM)	2	1	1
Laboratori gruppo Artemisia (RM)	4	2	6
Laboratorio Analisi Lepetit (RM)	2	3	2
Laboratorio Analisi Guidonia (RM)	79	72	84
Laboratorio Analisi Cliniche Rocomar (RM)	-	1	-
Laboratorio Analisi Cliniche Portuense (RM)	1	1	-
Can.bi.as Laboratorio Analisi Cliniche Caravaggio (RM)	-	12	10
Laboratorio Analisi Cliniche Arenula (RM)	-	2	-
Laboratorio Analisi Bios (RM)	36	14	18
Laboratorio Analisi Aurelia (RM)	7	3	4
Laboratorio Analisi Zaffino (RM)	1	-	-
Centro Sa.Na - Aprilia (LT)	2	2	1
Centro Diagnostico Monteverde (RM)	1	-	-
Laboratori gruppo U.S.I. (RM)	3	3	4
Studio Medico Colombo (RM)	-	-	1
Totale	399	374	337

Tabella 1 - Strutture afferenti e numero di isolati raccolti nella regione Lazio per il triennio 2018 -2020

Strutture Ospedaliere Regione Toscana	2018	2019	2020
Ospedale di Cisanello (PI)	1	-	-
Ospedale San Jacopo (PT)	-	1	-
Azienda Usl Toscana nord ovest (LI)	-	35	25
Azienda Ospedaliero-Universitaria Pisana U.O. Microbiologia Universitaria (PI)	-	5	11
Totale	1	41	36

Tabella 2 - Strutture afferenti e numero di isolati raccolti nella regione Toscana per il triennio 2018-2020

In linea con quanto riportato in ambito comunitario, i sierotipi più frequentemente isolati nell'uomo restano *S. Typhimurium* monofasica, *S. Typhimurium* e *S. Enteritidis* anche se quest'ultimo, nella casistica del CREP, ha subito un notevole decremento passando da una rappresentatività del 30,5% nel 2018 al 10,5 % nel 2020. Seguono i sierotipi *S. Napoli*, *S. Infantis* ed *S. Derby*, la cui frequenza si è mantenuta costante (circa pari al 5%) nel triennio 2018-2020. Tra i sierotipi emergenti, anche a livello europeo, ritroviamo *S. Strathcona* che nel 2019 ha raggiunto un picco di rappresentatività del 5,5% (vedi Approfondimento) (**Grafico 2**).

Sierotipi	2018	% 2018	2019	% 2019	2020	% 2020
<i>S. Enteritidis</i>	122	30,5%	64	15,4%	39	10,5%
<i>S. Typhimurium</i> var. monofasica	100	25,0%	128	30,8%	116	31,1%
<i>S. Typhimurium</i>	39	9,7%	36	8,7%	45	12,1%
<i>S. Napoli</i>	18	4,5%	20	4,8%	20	5,4%
<i>S. Infantis</i>	18	4,5%	18	4,3%	18	4,3%
<i>S. Derby</i>	13	3,2%	16	3,8%	18	4,3%
<i>S. Strathcona</i>	1	0,2%	23	5,5%	4	1,1%
<i>S. Brandenburg</i>	7	1,7%	10	2,4%	12	3,2%
<i>S. Bredeney</i>	6	1,5%	3	0,7%	5	1,3%
<i>S. Oranienburg</i>	5	1,2%	1	0,2%	-	-
<i>S. Typhi</i>	5	1,2%	5	1,2%	1	0,3%
<i>S. London</i>	5	1,2%	1	0,2%	2	0,5%
<i>S. Stanley</i>	4	1,0%	3	0,7%	1	0,3%
<i>S. Goldcoast</i>	4	1,0%	7	1,7%	2	0,5%
<i>S. Muenster</i>	3	0,7%	2	0,5%	-	-
<i>S. Rissen</i>	3	0,7%	4	1,0%	1	0,3%
<i>S. Thompson</i>	3	0,7%	2	0,5%	1	0,3%
<i>S. Give</i>	2	0,5%	7	1,7%	5	1,3%
<i>S. Braenderup</i>	2	0,5%	2	0,5%	10	2,7%
<i>S. Litchfield</i>	2	0,5%	2	0,5%	-	-
Altri sierotipi	38	10,0%	61	14,7%	73	19,6%
Totale	400	100%	415	100%	373	100%

Tabella 3 - Distribuzione dei sierotipi prevalenti di *Salmonella* di origine umana

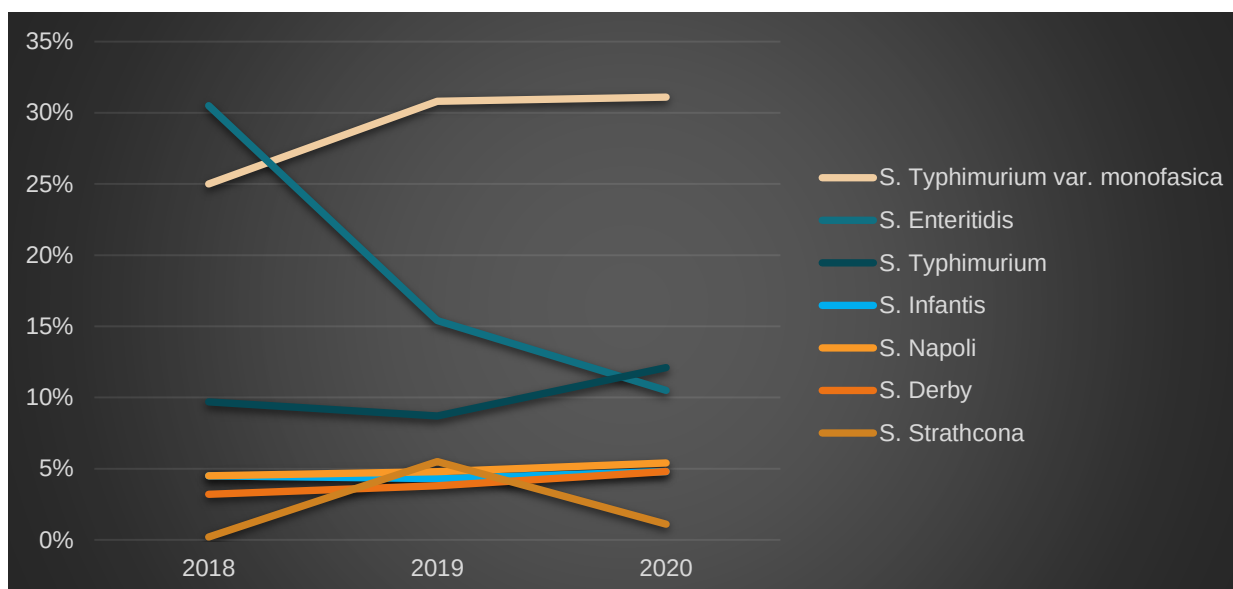


Grafico 2 – Distribuzione dei sierotipi più frequenti isolati dall'uomo per il triennio 2018 - 2020

Nel 2018 e nel 2020 il più elevato numero di casi notificati è stato registrato nel gruppo dei giovani (età compresa tra 1 e 14 anni) a fronte di un transitorio aumento delle notifiche nel 2019 nel gruppo degli adulti (età compresa tra 15 e 64 anni) (**Tabella 4, Grafico 3**).

	2018			2019			2020		
Fasce d'età	M	F	Non noto	M	F	Non noto	M	F	Non noto
0 - 11 mesi	6	3	-	12	11	2	4	1	-
1 - 5 anni	70	47	-	44	33	2	43	54	1
6 - 14 anni	47	27	1	45	42	2	44	30	3
15 - 64 anni	57	54	2	64	66	3	46	51	2
65 + anni	28	31	-	19	53	-	32	33	1
Non riportato	12	8	7	9	6	2	13	8	7
Totale	220	170	10	193	211	11	182	177	14
Totale per anno	400			415			373		

Tabella 4 – Distribuzione degli isolati di *Salmonella* spp. di origine umana per sesso, per fascia d'età e per anno di isolamento

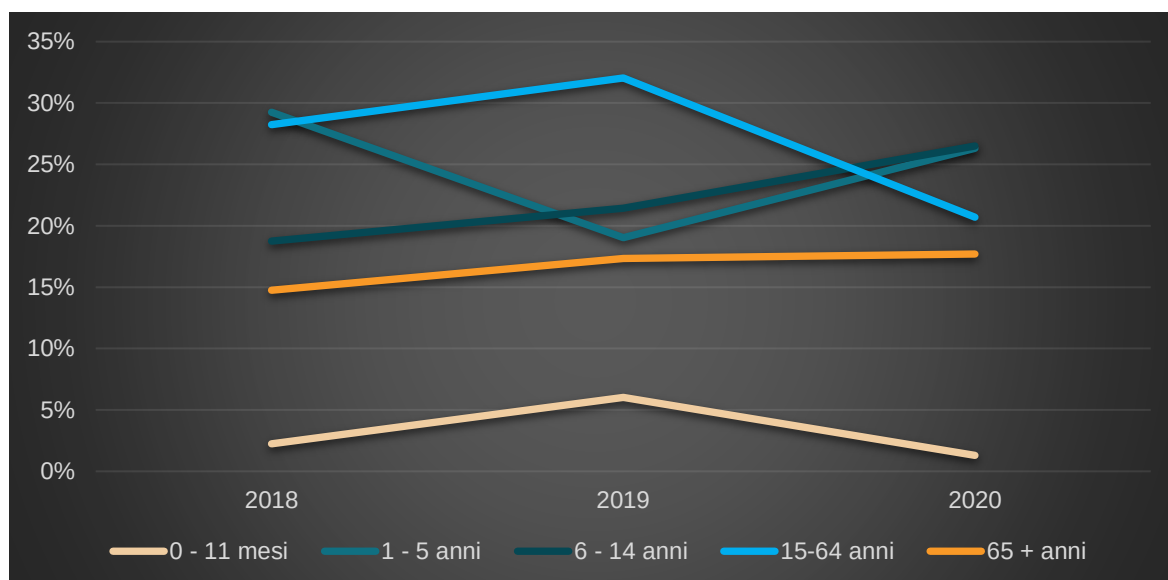


Grafico 3 - Andamento delle frequenze di isolamento dei principali sierotipi per fascia d'età e per anno di isolamento

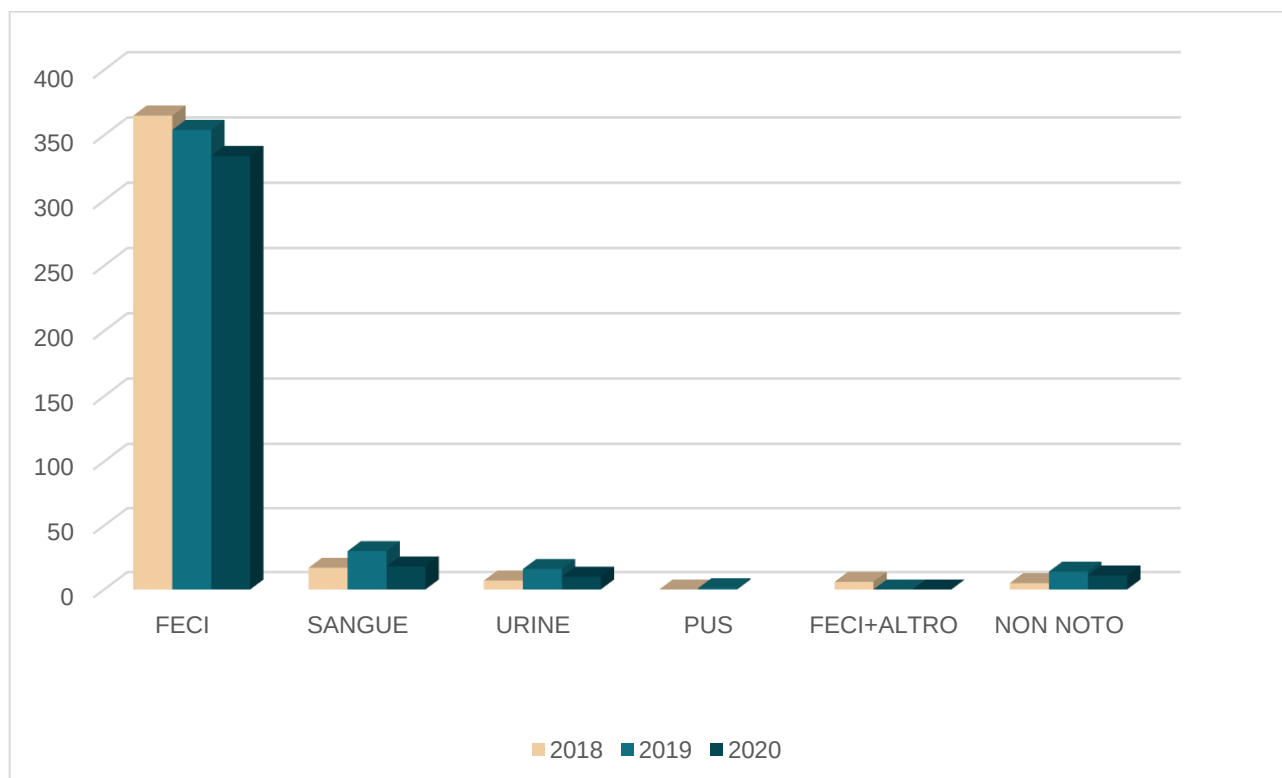


Grafico 4 – Matrici biologiche di isolamento di *Salmonella* spp.

Approfondimento: analisi dei casi di *S. Strathcona* notificati nelle Regioni Lazio e Toscana nel 2019

Tra la fine di maggio e l'inizio di giugno 2020 nell'Unione Europea è stato evidenziato un focolaio epidemico legato a *Salmonella* Strathcona. Gli isolati mostravano un profilo molto simile a quello dei ceppi di *S. Strathcona* correlati ad un precedente focolaio, registrato nel 2011 e legato al consumo di pomodori datterino prodotti in Italia. Su richiesta dell'ECDC ed in seguito alla segnalazione nel 2019 da parte della Regione Toscana di un episodio di tossinfezione alimentare causato da questo raro sierotipo, il coordinamento della rete Enter-Net Italia ha verificato la situazione a livello nazionale. Il numero totale di isolamenti di *S. Strathcona* per l'anno 2019 è risultato pari a 43, di cui 25 effettuati tra i mesi di maggio e di settembre nelle sole regioni Toscana e Lazio (**Tabella 5**) e 12 associati al consumo di roastbeef o di pollo arrosto. L'IZSLT ha sequenziato 16 di questi 25 isolati, includendo sia quelli aventi un link con l'episodio sopra riportato, sia quelli non direttamente collegati con l'episodio stesso (3 isolati nel Lazio e 13 in Toscana). Successivamente sono state svolte delle indagini di approfondimento finalizzate al confronto delle sequenze degli isolati con una sequenza rappresentativa del nuovo cluster segnalato nella UE, condivisa come prototipo sul sistema web di comunicazione EPIS utilizzato dall'ECDC per la trasmissione di informazioni epidemiologiche. Sono state incluse nella analisi le sequenze genomiche di altri ceppi isolati in Germania e in Gran Bretagna disponibili nella banca dati Enterobase. È stata quindi eseguita un'analisi comparativa dei cluster (core genome Multi Locus Sequence Typing) che ha evidenziato che gli isolati del Lazio e della Toscana risultavano strettamente correlati tra loro, presentando un massimo di 7 differenze alleliche secondo lo schema Enterobase (**Grafico 5**). Il confronto delle sequenze genomiche con la sequenza di riferimento del cluster del 2020, ha mostrato da 4 a 9 differenze alleliche.

Provenienza	2018	2019	2020
Azienda USL Toscana Nord-Ovest-Livornese (LI)	-	14	2
Laboratorio Analisi Guidonia (RM)	-	3	1
Laboratorio Bios (RM)	-	1	-
Ospedale Bambino Gesù (RM)	-	1	-
Ospedale S. Eugenio (RM)	-	1	1
Ospedale San Filippo Neri (RM)	-	1	-
Policlinico Umberto I (RM)	-	1	-
Polo Ospedaliero di Genzano di Roma E. De Santis (RM)	-	1	-
Policlinico Casilino (RM)	1	-	-
Totale	1	23	4

Tabella 5 – Strutture di provenienza degli isolati di *S. Strathcona* per il triennio 2018-2020

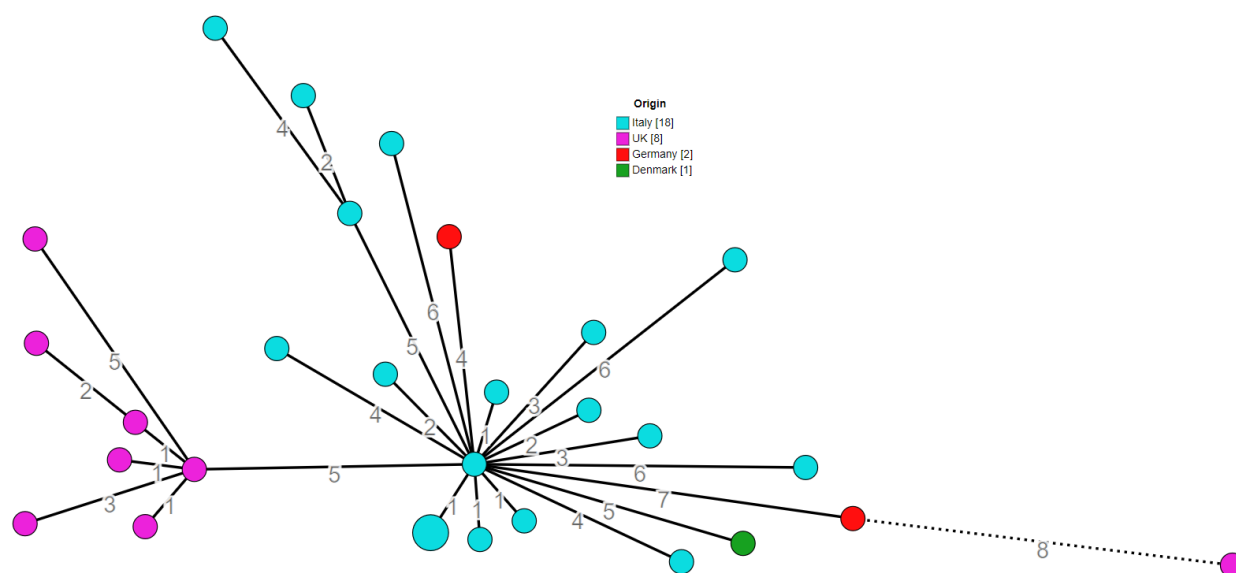


Grafico 5 — Minimum spanning tree del core genome MLST di *S. Strathcona*

Salmonella di origine veterinaria

Nel corso del 2018 sono stati notificati dal CREP alla rete Enter-vet complessivamente 179 ceppi di *Salmonella* di cui 121 (67,6%) provenienti dalla Regione Lazio e 58 (32,4%) dalla Regione Toscana.

Nel corso del 2019, invece i ceppi sono stati complessivamente 167 di cui 114 (68,3%) provenienti dalla Regione Lazio e 53 (31,7%) dalla Regione Toscana mentre nel 2020 sono stati 202 di cui 97 (48 %) provenienti dalla Regione Lazio e 105 (52 %) dalla Regione Toscana (**Tabella 6**).

Gli isolati inviati al CREP provengono dai laboratori diagnostici e di microbiologia degli alimenti della Sede Centrale e delle Sezioni del Lazio e della Toscana, da Laboratori privati, e da Università. Nello specifico nel 2020 sono stati notificati alla rete Enter-vet anche i ceppi isolati presso il Dipartimento di Scienze Veterinarie dell'Università di Pisa.

Regione	2018	% 2018	2019	% 2019	2020	% 2020
Lazio	121	67,6%	114	68,3%	97	48 %
Toscana	58	32,4%	53	31,7%	105	52 %
Totale	179	100%	167	100%	202	100%

Tabella 6 - Numero isolamenti di *Salmonella* di origine veterinaria ripartiti per anno e per regione di provenienza

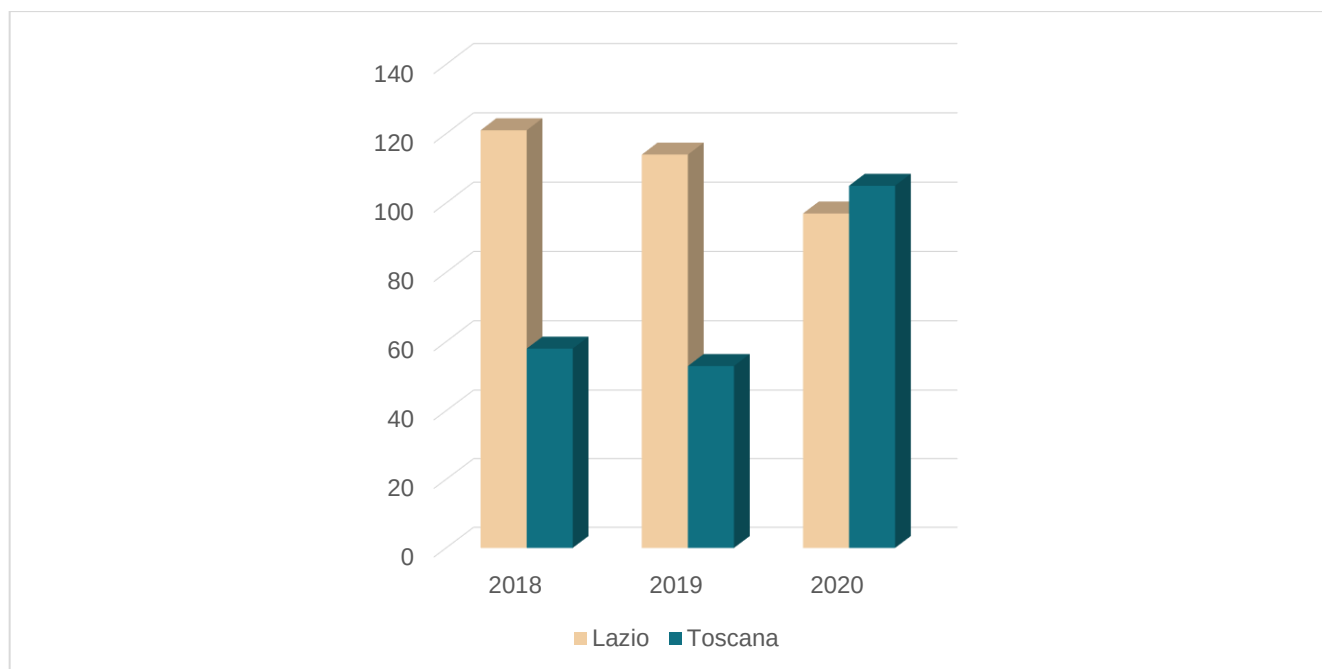


Grafico 6 – Numero di isolamenti di *Salmonella* di origine veterinaria effettuati nel triennio 2018 -2020 ripartiti per regione di provenienza

		ANIMALE			ALIMENTO			AMBIENTE			ACQUA	MANGIME		NON NOTO	
		2018	2019	2020	2018	2019	2020	2018	2019	2020	2018	2019	2020	2019	2020
Specie	Subspecie														
S. enterica	subsp. <i>enterica</i>	60	51	81	98	93	103	9	1	3	-	6	1	-	1
	subsp. <i>salamae</i>	1	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	subsp. <i>diarizonae</i>	5	3	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	subsp. <i>houtenae</i>	2	2	5	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	<i>Salmonella</i> non tipizzabile	1	1	2	2	1	-	-	-	-	1	-	-	6	-
S. bongori		-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-
Totale		69	59	93	100	95	104	9	1	3	1	6	1	6	1

Tabella 7 - Ripartizione per specie e sottospecie degli isolati di *Salmonella* di origine veterinaria raccolti nel triennio 2018-2020

In riferimento ai sierotipi clinicamente rilevanti, nel corso del triennio 2018-2020 la frequenza di isolamento di *S. Enteritidis* è raddoppiata raggiungendo il 6,4% nel 2020. I livelli di *S. Typhimurium* e della sua variante monofasica hanno invece subito un dimezzamento raggiungendo nel 2020 rispettivamente una frequenza del 2% e 6,9% (**Tabella 8**). Non sono stati registrati isolamenti di *S. Virchow* e *S. Hadar*.

Sierotipo	2018	% 2018	2019	% 2019	2020	% 2020
S. Abony	2	1,1%	-	-	-	-
S. Abortusovis	10	5,6%	6	3,6%	6	3,0%
S. Adelaide	1	0,6%	1	0,6%	1	0,5%
S. Agama	1	0,6%	-	-	-	-
S. Agona	4	2,2%	4	2,4%	1	0,5%
S. Anatum	-	-	1	0,6%	3	1,5%
S. Apeyeme	1	0,6%	-	-	-	-
S. Blockley	-	-	-	-	5	2,5%
S. Bovismorbificans	1	0,6%	-	-	-	-
S. Brandenburg	5	2,8%	2	1,2%	1	0,5%
S. Bredeney	5	2,8%	8	4,8%	1	0,5%
S. Chester	-	-	1	0,6%	1	0,5%
S. Choleraesuis	1	0,6%	-	-	1	0,5%
S. Corvallis	-	-	-	-	1	0,5%
S. Derby	17	9,5%	13	7,8%	7	3,5%
S. Dublin	-	-	2	1,2%	1	0,5%
S. Emek	-	-	-	-	1	0,5%
S. Enteritidis	7	3,9%	5	3%	13	6,4%
S. Give	1	0,6%	2	1,2%	1	0,5%
S. Haifa	-	-	1	0,6%	-	-
S. Halle	1	0,6%	-	-	-	-
S. Indiana	-	-	2	1,2%	-	-
S. Infantis	38	21,2%	37	22,2%	61	30,2%
S. Jerusalem	-	-	1	0,6%	1	0,5%
S. Kapemba	1	0,6%	-	-	1	0,5%
S. Kasenyi	1	0,6%	-	-	-	-
S. Kedougou	3	1,7%	-	-	1	0,5%
S. Kentucky	13	7,3%	9	5,4%	17	8,4%
S. Kenya	-	-	1	0,6%	-	-
S. Kingston	1	0,6%	-	-	-	-
S. Kisarawe	-	-	-	-	1	0,5%
S. Kottbus	-	-	-	-	1	0,5%

S. Liverpool	-	-	-	-	2	1,0%
S. Livingstone	-	-	1	0,6%	2	1,0%
S. London	2	1,1%	3	1,8%	5	2,5%
S. Manhattan	1	0,6%	-	-	-	-
S. Mbandaka	1	0,6%	3	1,8%	-	-
S. Mishmarhaemek	3	1,7%	-	-	-	-
S. Montevideo	1	0,6%	-	-	1	0,5%
S. Morehead	-	-	-	-	1	0,5%
S. Muenchen	4	2,2%	2	1,2%	-	-
S. Muenster	-	-	1	0,6%	-	-
S. Napoli	2	1,1%	4	2,4%	4	2,0%
S. Newport	2	1,1%	1	0,6%	1	0,5%
S. Newyork	-	-	-	-	1	0,5%
S. Panama	2	1,1%	-	-	-	-
S. Rissen	5	2,8%	4	2,4%	1	0,5%
S. Rubislaw	-	-	-	-	9	4,5%
S. Saintpaul	1	0,6%	1	0,6%	1	0,5%
S. Senftenberg	1	0,6%	1	0,6%	4	2,0%
S. Stanleyville	1	0,6%	-	-	-	-
S. Tennessee	1	0,6%	-	-	-	-
S. Toulon	-	-	-	-	1	0,5%
S. Typhimurium	8	4,5%	7	4,2%	4	2,0%
S. Typhimurium variante monofasica	18	10,0%	18	10,8%	14	6,9%
S. Umbilo	-	-	-	-	1	0,5%
S. Veneziana	-	-	2	1,2%	1	0,5%
S. enterica subsp. houtenae	2	1,1%	3	1,8%	5	2,5%
S. enterica subsp. salamae	1	0,6%	1	0,6%	-	-
S. enterica subsp. diarizonae	5	2,8%	4	2,4%	5	2,5%
S. bongori	-	-	-	-	1	0,5%
Formula incompleta/non tipizzabile	4	2,2%	15	9%	11	5,4%
Totale	179	100%	167	100%	202	100%

Tabella 8 - Frequenza di isolamento delle *Salmonelle* di origine veterinaria ripartite per anno e per sierotipo

Salmonella negli animali

Sierotipo	2018	% 2018	2019	% 2019	2020	% 2020
S. enterica subsp. diarizonae	5	7,2%	-	-	-	-
S. Abortusovis	10	14,5%	6	10,2%	6	6,4%
S. Agona	4	5,8%	4	6,8%	-	-
S. Enteritidis	4	5,8%	5	8,5%	11	11,8%
S. Infantis	-	-	-	-	8	8,6%
S. Kentucky	11	15,9%	9	15,2%	15	16,1%
S. Rubislaw	-	-	-	-	8	8,6%
Altri sierotipi	35	50,7%	35	59,3%	45	48,5%
Totale	69	100%	59	100%	93	100%

Tabella 9 - Numero e prevalenza dei principali sierotipi di *Salmonella* spp nelle specie animali

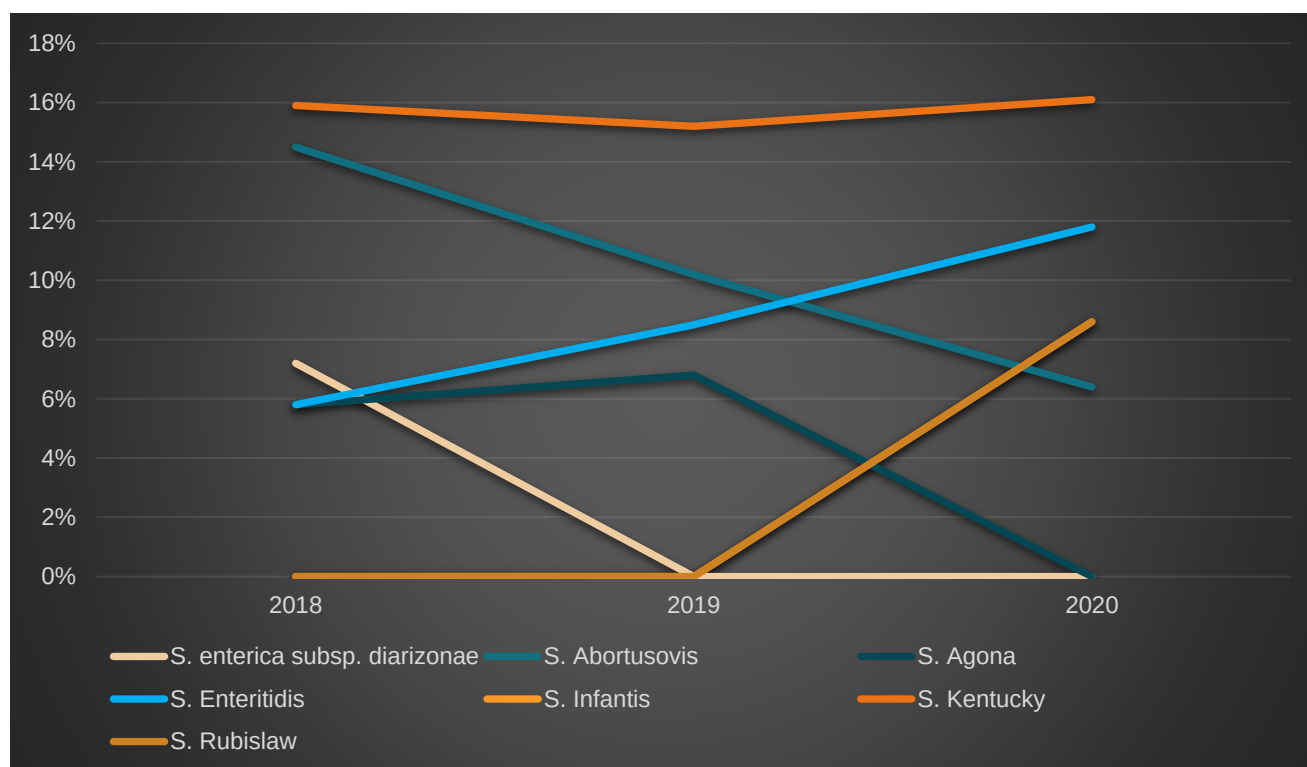


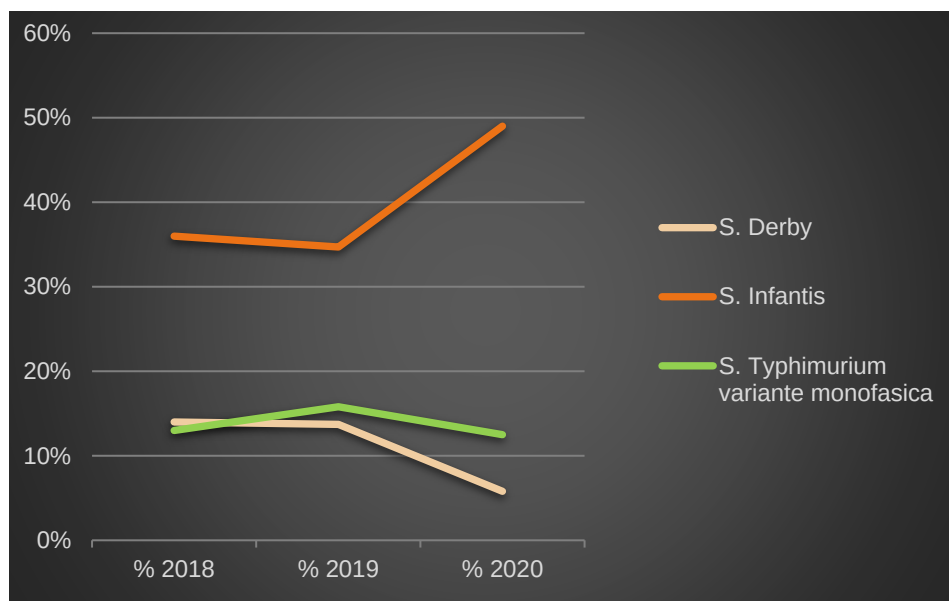
Grafico 7 - Andamento dei principali sierotipi nelle specie animali nel triennio 2018-2020

Sierotipo	2018	% 2018	2019	% 2019	2020	% 2020
S. Adelaide	1	5,3%	1	5,9%	1	4,3%
S. Agona	2	10,5%	1	5,9%	-	-
S. Enteritidis	3	15,8%	3	17,6%	8	34,8%
S. Jerusalem	-	-	1	5,9%	1	4,3%
S. Kedougou	2	10,5%	-	-	-	-
S. Kentucky	8	42,1%	8	47,0%	10	43,5%
S. London	-	-	-	-	1	4,3%
S. Mbandaka	-	-	1	5,9%	-	-
S. Mishmarhaemek	3	15,8%	-	-	-	-
S. Senftenberg	-	-	-	-	2	8,7%
S. Typhimurium variante monofasica	-	-	2	11,8%	-	-
Totale	19	100%	17	100%	23	100%

Tabella 10 - Sierotipi prevalenti di *Salmonella* spp isolati da feci di galline ovaiole nel triennio 2018 - 2020

Salmonella negli alimenti

Nel corso del triennio 2018-2020 i sierotipi più diffusi negli alimenti sono risultati S. Infantis, S. Derby e S. Typhimurium variante monofasica rappresentando complessivamente il 63%, il 64,2% ed il 67,3% dei totali per i tre anni analizzati. In particolare dal 2018 al 2020 si è assistito ad un significativo aumento della frequenza di S. Infantis (dal 36% al 49%), accompagnato da un calo dei livelli di S. Derby (dal 14% al 5,8%) mentre quelli di S. Typhimurium variante monofasica sono rimasti pressochè costanti (dal 13% al 12,5%) (**Grafico 8**).


Grafico 8 - Principali sierotipi isolati negli alimenti per il triennio 2018-2020

Sierotipo	PRODOTTI ITTICI			POLLO			SUINO			ALTRO			TOTALE		
	2018	2019	2020	2018	2019	2020	2018	2019	2020	2018	2019	2020	2018	2019	2020
S. Anatum	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	2
S. Apeyeme	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
S. Blockley	-	-	-	-	-	4	-	-	-	-	-	1	-	-	5
S. Brandenburg	-	-	-	-	-	-	4	2	1	-	-	-	4	2	1
S. Bredeney	2	-	-	3	5	-	-	1	-	-	2	1	5	8	1
S. Chester	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	1	-	1	1
S. Choleraesuis	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
S. Derby	-	-	-	-	-	-	12	12	6	2	1	-	14	13	6
S. Dublin	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1
S. Emek	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1
S. Enteritidis	-	-	-	1	-	-	-	-	1	-	-	-	1	-	1
S. Give	-	-	-	-	-	-	1	2	-	-	-	1	1	2	1
S. Haifa	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
S. Halle	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
S. Infantis	-	1	-	30	29	46	4	1	1	2	2	4	36	33	51
S. Kapemba	1	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1	-	1
S. Kasenyi	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
S. Kedougou	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1
S. Kentucky	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	2
S. Kenya	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
S. Kingston	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
S. London	-	-	-	-	-	-	-	2	1	1	1	1	1	3	2
S. Morehead	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1
S. Muenchen	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	-	-
S. Napoli	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	1	1	-
S. Newport	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	1	1	1	1	1
S. Newyork	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1

S. Panama	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	2	-	-
S. Rissen	-	-	-	-	-	-	5	1	1	-	3	-	5	4	1
S. Rubislaw	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1
S. Saintpaul	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1	1	1	1
S. Stanleyville	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1	-	-
S. Typhimurium	3	-	1	-	1	-	1	1	1	1	-	-	5	2	2
S. Veneziana	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
S. Typhimurium variante monofasica	-	-	-	-	-	1	13	14	10	-	1	2	13	15	13
S. bongori	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Gruppo O:7(C1)	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1
Altri sierotipi	-	2	-	-	2	-	-	-	-	2	-	-	-	6	-
Non noto	-	-	-	-	-	2	2	-	2	-	-	-	2	-	4
Totale	8	6	2	38	38	53	46	37	26	8	14	23	100	95	104

Tabella 11 - Sierotipi prevalenti di *Salmonella* spp isolati negli alimenti per il triennio 2018 - 2020

Caratterizzazione dei ceppi di *Salmonella* spp. isolati da campioni del piano AMR

Il Piano di Monitoraggio Armonizzato sulla resistenza agli antimicrobici (Piano AMR) dei batteri zoonotici e commensali è un piano di monitoraggio della resistenza antimicrobica negli animali da produzione alimentare e negli alimenti (nella fase di produzione primaria e di distribuzione) che si prefigge di ottenere dati comparabili sulla prevalenza di resistenze negli agenti batterici di cui all'art. 1 della decisione 2013/652/UE. Il piano AMR ha durata annuale e prevede, tra le varie attività, il campionamento di intestini ciechi prelevati presso i macelli, e campioni di carni fresche prelevate nella fase di distribuzione al dettaglio da specie avicole (pollo e tacchino) o da suini e bovini ad anni alterni.

Di seguito sono riportati i risultati delle prove di sierotipizzazione eseguite sui ceppi di *Salmonella* isolati da specie avicole per gli anni 2018 e 2020 (**Tabella 12** e **14**), e da suini e bovini per l'anno 2019 per il piano AMR (**Tabella 13** e **15**). Per l'anno 2019 non sono stati registrati isolamenti di *Salmonella* da carne fresca di bovino.

Sierotipi	Pollo				Tacchino			
	2018		2020		2018		2020	
S. Agona	1	0,7%	-	-	3	3,3%	-	-
S. Alachua	-	-	-	-	1	1,2%	-	-
S. Altona	1	0,7%	-	-	-	-	-	-
S. Blockley	-	-	4	4,7%	2	2,2%	4	7,4%
S. Bredeney	14	10,4%	2	2,34%	4	4,4%	-	-
S. Chester	-	-	-	-	11	12%	8	14,8%
S. Cerro	1	0,7%	1	1,2%	-	-	-	-
S. Coeln	-	-	-	-	-	-	1	1,9%
S. Derby	-	-	-	-	11	12%	-	-
S. Haifa	-	-	-	-	6	6,5%	4	7,4%
S. Heidelberg	-	-	-	-	1	1,1%	1	1,9%
S. Infantis	111	82,2%	70	82,4%	6	6,5%	7	13%
S. Kedougou	-	-	-	-	6	6,5%	5	9,3%
S. Kentucky	-	-	2	2,4%	5	5,4%	6	11,1%
S. Kottbus	-	-	-	-	1	1,1%	-	-
S. Livingstone	-	-	-	-	1	1,1%	-	-
S. Mbandaka	-	-	-	-	-	-	-	-
S. Muenchen	-	-	-	-	2	2,2%	1	1,9%
S. Newport	-	-	-	-	7	7,6%	2	3,7%
S. Salford	-	-	-	-	-	-	1	1,9%
S. Saintpaul	-	-	-	-	11	12%	8	14,8%
S. Senftenberg	-	-	-	-	1	1,1%	-	-
S. Thompson	2	1,5%	4	4,7%	-	-	2	3,7%
S. Tiphymurium	-	-	1	1,2%	-	-	2	3,7%
S. Tiphymurium monofasica	-	-	-	-	7	7,6%	-	-
S. Yovokome	1	0,7%	-	-	-	-	-	-
S. Wentworth	-	-	-	-	-	-	1	1,9%
Ceppo non tipizzabile	2	1,5%	1	1,2%	8	8,7%	-	-
Totale	135	100%	85	100%	92	100%	54	100%

Tabella 12 - Sierotipi dei ceppi di *Salmonella* isolati da campioni cecali di pollo e tacchino negli anni 2018 e 2020

Sierotipi	Bovino		Suino	
S. Brandenburg	1	4,8%	12	10,5%
S. Bredeney	-	-	2	1,8%
S. Chester	1	4,8%	-	-
S. Clackamas	-	-	2	1,8%
S. Derby	-	-	32	28,1%
S. Enteritidis	1	4,8%	-	-
S. Give	-	-	1	0,9%
S. Goldcoast	1	4,8%	7	6,1%
S. Kapemba	-	-	1	0,9%
S. Leeuwarden	-	-	1	0,9%
S. Livingstone	-	-	1	0,9%
S. London	-	-	3	2,6%
S. Manhattan	-	-	2	1,8%
S. Muenchen	-	-	1	0,9%
S. Rissen	-	-	13	-
S. Soerenga	-	-	1	0,9%
S. Takoradi	1	4,8%	-	-
S. Typhimurium	5	23,8%	2	1,8%
S. Typhimurium monofasica	10	47,6%	31	27,2%
S. Veneziana	1	4,8%	-	-
Gruppo O:4 (B)	-	-	1	0,9%
Gruppo O:48 (Y)	-	-	1	0,9%
Totale	21	100%	114	100%

Tabella 13 - Sierotipi dei ceppi *Salmonella* isolati da campioni cecali di suino e bovino nell'anno 2019

Sierotipi	Pollo				Tacchino			
	2018		2020		2018		2020	
	Ceppi	%	Ceppi	%	Ceppi	%	Ceppi	%
S. Agona	2	8,3%	-	-	1	14,3%	1	11,1%
S. Anatum	1	4,2%	-	-	-	-	2	22,2%
S. Apeyeme	-	-	-	-	-	-	-	-
S. Blockley	-	-	1	2,7%	-	-	-	-
S. Bredeney	7	29,2%	3	8,1%	-	-	1	11,1%
S. Coeln	-	-	-	-	1	14,3%	-	-
S. Haifa	-	-	-	-	2	28,6%	-	-
S. Infantis	9	37,5%	31	83,8%	-	-	3	33,3%
S. Kedougou	1	4,2%	-	-	1	14,3%	-	-
S. Kentucky	1	4,2%	-	-	-	-	1	11,1%
S. Newport	-	-	-	-	1	14,3%	1	11,1%
S. Thompson	1	4,2%	-	-	-	-	-	-
S. Typhimurium	1	4,2%	-	-	-	-	-	-
S. Typhimurium monofasica	-	-	-	-	1	14,3%	-	-
Ceppo non tipizzabile sierologicamente	1	4,2%	1	2,7%	-	-	-	-
Totale	24	100%	37	100%	7	100%	9	100%

Tabella 14 - Sierotipi dei ceppi di *Salmonella* isolati da campioni di carne fresca di pollo e tacchino prelevati in fase di vendita al dettaglio negli anni 2018 e 2020

Sierotipi	2019	
	Ceppi	%
S. Derby	2	40 %
S. Rissen	2	40 %
S. Typhimurium monofasica	1	20 %
Totale	5	100%

Tabella 15 - Sierotipi dei ceppi di *Salmonella* isolati da campioni di carne fresca di suino prelevata in fase di vendita al dettaglio nell'anno 2019

LISTERIA MONOCYTOGENES TRIENNIO 2018 - 2020

Listeria monocytogenes di origine umana

Il triennio 2018-2020 ha visto un progressivo aumento nel numero di isolati di origine umana di *L. monocytogenes* (25 nel 2018, 46 nel 2019 e 64 nel 2020) collezionati presso il CREP.

Le matrici biologiche più frequentemente positive sono risultate il liquor ed il sangue (**Tabella 16**).

Matrice	2018	% 2018	2019	% 2019	2020	% 2020
Liquor	12	48%	14	29,8%	10	15,6%
Sangue	11	44%	26	55,3%	41	64,1%
Liquor/Sangue	1	4%	1	2,1%	-	-
Placenta	-	-	3	6,4%	2	3,1%
Tampone superficiale	-	-	1	2,1%	-	-
Liquido amniotico	-	-	-	-	1	1,6%
Liquido ascitico	-	-	-	-	1	1,6%
Liquido peritoneale/ascitico	-	-	-	-	1	1,6%
Tampone auricolare	-	-	-	-	1	1,6%
Tampone rettale/auricolare/faringeo/sangue	-	-	-	-	1	1,6%
Tampone rettale/vaginale	-	-	-	-	1	1,6%
Tampone ulcera addome	-	-	-	-	1	1,6%
Trombo aneurisma	-	-	-	-	1	1,6%
Non noto	1	4%	2	4,2%	3	4,7%
Totale	25	100%	47	100%	64	100%

Tabella 16 - Matrici di isolamento *L. monocytogenes* umana analizzate nel triennio 2018-2020

Fasce età	2018	2019	2020
< 1 mese	4	5	6
3 mesi	-	-	1
22-40 anni	1	6	10
41-60 anni	3	6	11
61-70 anni	5	10	6
71-79 anni	8	10	15
80 -91 anni	4	10	14
Non noto	-	-	1
Totale	25	47	64

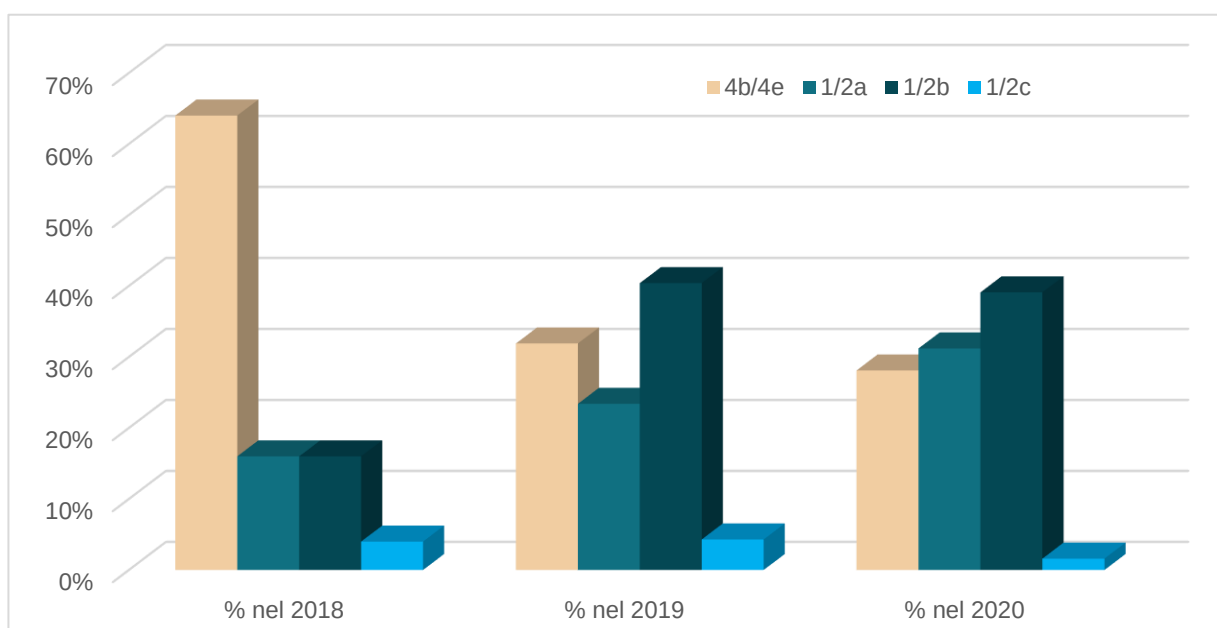
Tabella 17 – Distribuzione degli isolamenti di *L.monocyogenes* di origine umana per fascia d'età e per anno

Strutture Ospedaliere	2018	2019	2020
Azienda Ospedaliera Universitaria Pisana (PI)	-	-	2
Campus Biomedico (RM)	-	-	1
Casa di Cura S. Anna (RM)	1	-	-
INMI L. Spallanzani (RM)	3	6	4
IRCCS San Raffaele Pisana (RM)	-	1	-
Laboratorio Cecina (LI)	-	-	1
Lifebrain Guidonia (RM)	-	-	1
Ospedale Bambino Gesù' (RM)	2	1	-
Ospedale di Belcolle (VT)	-	-	1
Polo Ospedaliero di Genzano E. De Santis (RM)	-	1	-
Ospedale di Livorno (LI)	-	-	3
Ospedale di Lucca (LU)	-	-	8
Ospedale di Palestrina (RM)	-	-	2
Ospedale di Prato (PO)	-	-	5
Ospedale di Frascati (RM)	1	-	-
Ospedale G.B. Grassi (RM)	-	1	-
Ospedale MG Vannini (RM)	-	-	1
Ospedale L. Parodi Delfino di Colleferro (RM)	-	-	1
Ospedale S.M. Goretti (LT)	1	-	9
Ospedale S. Pietro Fatebenefratelli (RM)	1	2	3
Ospedale San Camillo De Lellis (RI)	-	2	-
Ospedale San Camillo Forlanini (RM)	2	8	1
Ospedale San Giovanni Addolorata (RM)	2	1	3

Ospedale Sandro Pertini (RM)	1	-	-
Ospedale Sant'Eugenio (RM)	1	3	2
Policlinico Casilino (RM)	-	1	5
Policlinico Gemelli (RM)	8	17	6
Policlinico Tor Vergata (RM)	1	-	-
Policlinico Umberto I (RM)	1	3	5
Totale	25	47	64

Tabella 18 - Strutture afferenti e numero di isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nel triennio 2018-2020

Il triennio 2018-2020 ha visto un progressivo calo nella frequenza del sierotipo 4b/4e (dal 64% al 28%) e del sierotipo 1/2c (dal 4% al 2%). Viceversa si è potuto registrare un aumento di frequenza per i sierotipi 1/2a (dal 16% al 31%) e 1/2b (dal 16% al 39%) (**Grafico 9**).



Sierotipi	2018	% 2018	2019	% 2019	2020	% 2020
4b/4e	16	64%	15	32%	18	28%
1/2a	4	16%	11	23%	20	31%
1/2b	4	16%	19	40%	25	39%
1/2c	1	4%	2	4%	1	2%
Totale	25	100%	47	100%	64	100%

Grafico 9 - Sierotipi prevalenti di *L. monocytogenes* di origine umana isolati nel triennio 2018-2020

*Approfondimento: analisi dei cluster epidemici legati alla diffusione di isolati di *L. monocytogenes* appartenenti al Sequence Type ST5*

Nel mese di luglio 2019 il numero di casi di listeriosi notificati all'Osservatorio Regionale SERESMI è risultato pari a 14, con un incremento inatteso rispetto a quanto osservato nei mesi precedenti dello stesso anno (1 caso a maggio e 5 casi a giugno), e rispetto allo stesso periodo dell'anno precedente (3 casi a luglio 2018). Al fine di verificare se si trattasse o meno di casi sporadici, la Regione Lazio ha avviato un'indagine epidemiologica supplementare, coordinata dal SERESMI e portata avanti in collaborazione con l'IZSLT e le ASL di competenza per i diversi presidi ospedalieri notificanti. Tutti gli isolati disponibili sono stati sierotipizzati presso il CREP e successivamente trasferiti alla UOS "Diagnostica e caratterizzazione molecolare" presso la Direzione Operativa Diagnostica Generale, per essere sottoposti a caratterizzazione molecolare profonda tramite Whole Genome Sequencing (WGS). Dei 12 isolati disponibili, riferibili ai casi con esordio della sintomatologia nel mese di luglio, 7 sono risultati appartenenti al sierotipo 1/2b. Dalle analisi di MLST si è evinto che 5 di questi ultimi appartenevano anche allo stesso Complesso Clonale (CC5) e allo stesso Sequence Type (ST5).

È stato quindi stabilito di analizzare con approccio retrospettivo gli isolati di *L. monocytogenes*, sia di origine alimentare che umana, pervenuti al CREP nella prima metà del 2019 e nel 2018 e di recuperare le notifiche dei casi comunicati al SERESMI in quell'arco temporale. È stato inoltre impostato un flusso di attività mirato alla caratterizzazione molecolare effettuata in tempo reale di ogni nuovo isolato di *L. monocytogenes* pervenuto al CREP, la georeferenziazione dei casi notificati, il confronto tra isolati di origine umana e origine alimentare e l'alimentazione della piattaforma IRIDA Aries.

Nel mese di agosto 2019 è stata completata l'analisi di sequenziamento di altri 58 isolati di *L. monocytogenes* (27 di origine umana e 31 di origine alimentare). Dei 27 isolati di origine umana, 12 sono risultati appartenenti al ST5. L'analisi filogenetica basata sugli SNP e l'analisi di cgMLST hanno evidenziato la ripartizione del gruppo di isolati ST5 in due cluster maggiori (A e B).

L'indagine è proseguita con la caratterizzazione di un altro gruppo di ceppi, comprendente 6 isolati di origine alimentare collezionati alla fine del 2019. Tra questi ultimi, 2 sono risultati appartenenti al ST5. In particolare un ceppo isolato da un campione "reperto" di salsiccia cotta di pollo è risultato filogeneticamente correlato al Cluster A.

L'analisi degli isolati umani ST5 e la ricerca di correlazioni con isolati di origine alimentare è proseguita per tutto l'anno 2020 ed è attualmente ancora in corso.

A dicembre 2020 gli isolati di origine umana ST5 caratterizzati presso l'IZSLT risultavano 51 (di cui 50 provenienti dalla Regione Lazio e 1 dall'Abruzzo) e quelli di origine alimentare 26

(relativi a 10 differenti campioni alimentari). Nel grafico 10 sono rappresentate le correlazioni tra gli isolati ST5 umani e veterinari collezionati nel triennio 2018-2020.

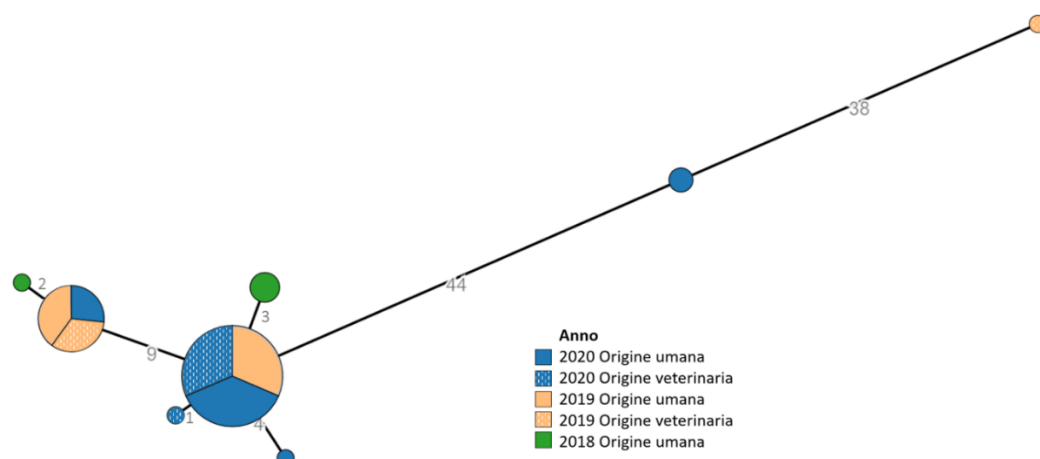


Grafico 10- Minimum Spanning Tree del cgMLST degli isolati di *L. monocytogenes* appartenenti al ST5 isolati nel triennio 2018-2020.

Listeria monocytogenes di origine veterinaria

Nell'anno 2018, sono pervenuti complessivamente 304 ceppi di *L. monocytogenes* di origine veterinaria. Tre di questi, rispettivamente appartenenti ai sierogruppi 1/2b, 3a e 4b/4e, provengono da Pisa e sono stati isolati in un cetaceo. Nel 2019 sono stati collezionati 191 ceppi e 151 nel 2020, di cui uno appartenente al sierogruppo 1/2a isolato da un fegato bovino (Tabella 19).

Listeria monocytogenes da alimenti e animali

Anno	Campioni	Ceppi
2018	46	304
2019	34	191
2020	30	151
Totale	110	646

Tabella 19 - Campioni pervenuti e numero di ceppi di *L. monocytogenes* di origine veterinaria isolati nel triennio 2018-2020

Tabella 20 - Tipologia di matrici alimentari e sierotipi dei ceppi di *L. monocytogenes* isolati nel triennio 2018-2020

Sierotipi	Tamponi ambientali 2018	Tamponi ambientali 2019	Tamponi ambientali 2020
1/2a	12	-	1
1/2b	1	-	24
1/2c	6	-	-
4b/4e	16	-	-
4d/4e	3	2	-
Totale	38	2	25

31

YERSINIA ENTEROCOLITICA TRIENNIO 2018-2020

Yersinia enterocolitica di origine umana

Nel triennio 2018-2020 sono pervenuti complessivamente 16 ceppi di *Y. enterocolitica* di origine umana (Tabella 22).

Laboratorio di origine	2018	2019	2020
Ospedale Bambino Gesù (RM)	2	3	6
Policlinico Umberto I (RM)	1	-	2
Policlinico Gemelli (RM)	-	1	-
Laboratorio Bios S.p.A. (RM)	1	-	-
Totale	4	4	8

Tabella 22 - Strutture afferenti e numero di isolati di *Y. enterocolitica* di origine umana collezionati nel triennio 2018-2020

Fascia età	2018	2019	2020
0-23 mesi	-	1	2
2-8 anni	1	2	2
9-13 anni	1	-	3
14-24 anni	1	1	-
36-64 anni	1	-	1
Totale	4	4	8

Tabella 23 - Distribuzione degli isolati *Y. enterocolitica* di origine umana ripartiti per anno e per fasce d'età

Sierogruppi	2018	2019	2020
Non appartenente ai sierogruppi O1-O2, O3, O5, O8, O9	1	1	1
Sierogruppo O3	1	1	7
Sierogruppo O5	-	1	-
Sierogruppo O9	1	1	-
Assenza di crescita	1	-	-
Totale	4	4	8

Tabella 24 - Distribuzione dei sierogruppi di *Y. enterocolitica* di origine umana per anno di isolamento

Yersinia enterocolitica di origine veterinaria

Nel 2018 sono stati raccolti 9 ceppi di *Y. enterocolitica* di origine alimentare e 10 ceppi nel 2019. Nell'anno 2020 non sono stati registrati isolamenti (**Tabella 25**).

Regione	2018	2019
Lazio	5	1
Toscana	4	9
Totale	9	10

Tabella 25 - Numero di isolati di *Y. enterocolitica* di origine veterinaria ripartiti per anno e per regione di provenienza

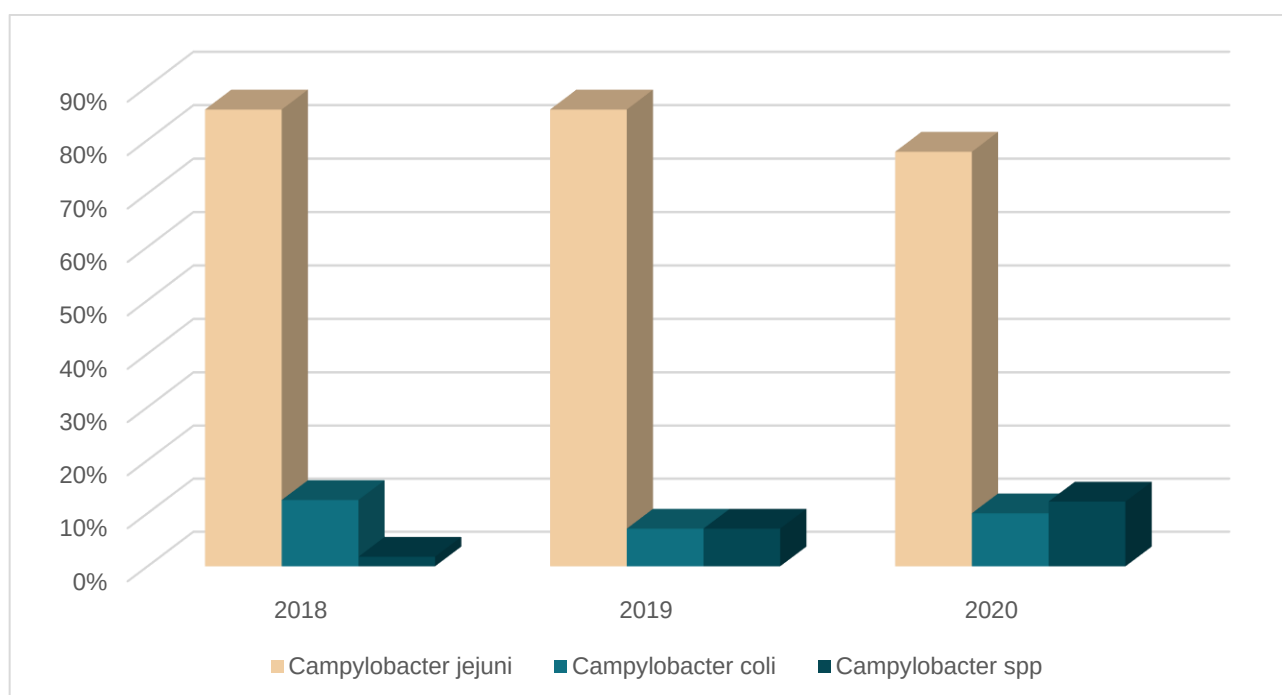
Anno	2018			2019		
Sierogruppi	Carne bovina	Carne suina	Macinato di carne mista	Carne bovina	Carne suina	Pasta precotta
Non appartenente ai sierogruppi O2, O3, O5, O8, O9	4	3	-	5	1	3
Sierogruppo O5	-	-	-	1	-	-
Sierogruppo O8	-	-	2	-	-	-
Totale	9			10		

Tabella 26 - Tipologia dei campioni alimentari e distribuzione dei sierogruppi di *Y. enterocolitica* per anno di isolamento

CAMPYLOBACTER TRIENNIO 2018-2020

Campylobacter di origine umana

Il triennio 2018-2020 ha visto un progressivo aumento del numero di ceppi di *Campylobacter* collezionati presso il CREP. La specie prevalentemente isolata in tutti e tre gli anni è stata il *C. jejuni* (Grafico 11).



Specie	2018	% 2018	2019	% 2019	2020	% 2020
<i>Campylobacter jejuni</i>	48	85,7%	60	85,7%	70	77,8%
<i>Campylobacter coli</i>	7	12,5%	5	7,1%	9	10%
<i>Campylobacter spp</i>	1	1,8%	5	7,1%	11	12,2%
Totale complessivo	56	100%	70	100%	90	100%

Grafico 11- Specie prevalenti di *Campylobacter* di origine umana isolati nel triennio 2018-2020

Strutture	2018	2019	2020
Ospedale Bambino Gesù (RM)	40	53	67
Marilab s.r.l. (RM)	10	-	-
Policlinico Casilino (RM)	3	5	8
Policlinico Umberto I (RM)	3	-	9
Ospedale S. Pietro Fatebenefratelli (RM)	-	4	2
Ospedale Sandro Pertini (RM)	-	5	-
Salvator Mundi International (RM)	-	3	-
Casa di Cura Quisisana (RM)	-	-	1
Fondazione S. Lucia (RM)	-	-	1
Laboratorio Bios (RM)	-	-	1
Ospedale L. Parodi Delfino di Colleferro (RM)	-	-	1
Totale	56	70	90

Tabella 27 - Strutture afferenti e numero di isolati di *Campylobacter* di origine umana collezionati nel triennio 2018-2020

Fascia età	2018	2019	2020
0-2 anni	12	13	15
3-10 anni	18	28	29
11-20 anni	8	17	30
21-77 anni	7	12	15
Non noto	11	-	1
Totale	56	70	90

Tabella 28 - Distribuzione degli isolati di *Campylobacter* per fasce d'età e anno di isolamento

Campylobacter di origine veterinaria

Nel corso del triennio 2018-2020, la carne di pollo risulta essere l'unica matrice contaminata da *Campylobacter* ad eccezione di due isolamenti da carne di tacchino ottenuti nel corso del 2018.

Specie	2018	2019	2020
<i>Campylobacter coli</i>	30	9	10
<i>Campylobacter jejuni</i>	23	1	16
<i>Campylobacter spp</i>	1	2	2
Totale	54	12	28

Tabella 29 - Specie prevalenti dei ceppi di *Campylobacter* di origine veterinaria isolati nel triennio 2018-2020

ESCHERICHIA COLI STEC TRIENNIO 2018-2020

Escherichia coli STEC di origine umana

Nel triennio 2018-2020 sono stati recuperati 7 isolati di *E. coli* STEC provenienti da due Presidi Ospedalieri della Regione Lazio ("San Camillo Forlanini" e "Bambino Gesù") (**Tabella 30**).

Ospedale	2018	2019	2020
San Camillo Forlanini	2 (eae-/vtx1+/vtx2+/ND) 1 (eae+/vtx1+/vtx2+/O157)	1 (eae+/vtx1+/vtx2-/O157)	-
Bambino Gesù	-	1 (eae+/vtx1+/vtx2+/O157)	1 (eae-/vtx1a+/vtx2c+/O157) 1 (eae-/vtx1a+/vtx2a+/O157)
Totale	3	2	2

Tabella 30 - Provenienza degli isolati di *E. coli* STEC umani. Sono indicate le positività per la presenza dei geni dell'intimina (eae), delle verocitotossine 1 e 2 (vtx 1 e 2 ed eventuali sottotipi) e, ove disponibile, il sierogruppo di appartenenza.

Escherichia coli STEC di origine veterinaria

Per il triennio 2018-2020 sono stati raccolti e confermati 46 isolati di *E. coli* STEC di origine alimentare (14 nel 2018, 15 nel 2019 e 17 nel 2020) (**Tabella 31**).

Matrice	2018	2019	2020
Latte crudo	1 (eae+/vtx1+/vtx2+/ND) 4 (eae-/vtx1+/vtx2-/ND) 1 (eae-/vtx1+/vtx2+/ND) 1 (eae-/vtx1+/vtx2+/O145)	2 (eae-/vtx1+/vtx2-/ND) 3 (eae-/vtx1-/vtx2+/ND) 2 (eae-/vtx1+/vtx2+/ND)	1 (eae+/vtx1+/vtx2+/ND) 2 (eae-/vtx1+/vtx2+/ND) 4 (eae-/vtx1+/vtx2-/ND) 7 (eae-/vtx1-/vtx2+/ND)
Prodotti caseari	1 (eae-/vtx1+/vtx2-/ND) 1 (eae-/vtx1-/vtx2b+/ND) 1 (eae-/vtx1-/vtx2+/O103)	4 (eae-/vtx1+/vtx2-/ND) 2 (eae-/vtx1+/vtx2+/ND)	1 (eae-/vtx1+/vtx2-/ND) 1 (eae-/vtx1-/vtx2+/ND)
Prodotti a base di carne	3 (eae-/vtx1-/vtx2+/ND) 1 (eae+/vtx1+/vtx2-/O103)	1 (eae-/vtx1+/vtx2+/ND) 1 (eae-/vtx1-/vtx2+/ND)	1 (eae-/vtx1-/vtx2+/ND)
Totale	14	15	17

Tabella 31 - Matrici di provenienza degli isolati di *E. coli* STEC veterinari. Sono indicate le positività per la presenza dei geni dell'intimina (eae), delle verocitotossine 1 e 2 (vtx 1 e 2 ed eventuali sottotipi) e, ove disponibile, il sierogruppo di appartenenza.

APPENDICE: DATI DALL'EUROPA. IL RAPPORTO EFSA/ECDC 2019 SULLE ZOONOSI

L'Autorità Europea per la Sicurezza Alimentare (EFSA) e il Centro Europeo per la prevenzione e il controllo delle malattie (ECDC), come ogni anno, hanno pubblicato la relazione dove sono presentati i dati relativi alle zoonosi ed alle tossinfezioni alimentari.

Il report presenta i risultati delle attività di monitoraggio delle zoonosi eseguite nel 2019 in 36 paesi Europei (28 stati membri e 8 stati non appartenenti all'Unione Europea-UE). Le zoonosi più frequentemente riportate sono risultate la campilobatteriosi e la salmonellosi, rispettivamente al primo e al secondo posto. Il trend a livello europeo per i casi umani confermati affetti da queste due patologie è risultato stabile durante il quinquennio 2015-2019. Al terzo posto ed in aumento dal 2015 al 2019, ritroviamo le infezioni da *Escherichia coli* produttori di Shigatossine (STEC). La yersiniosi è risultata la quarta zoonosi più frequentemente riportata nel 2019 con un trend stabile nel 2015-2019. Dopo un lungo periodo di aumento dei casi confermati di listeriosi, nel 2015-2019 il livello europeo è rimasto stabile per questa patologia, al quinto posto delle zoonosi con maggior numero di casi notificati, e raramente sono stati registrati livelli di *Listeria* superiori ai limiti di sicurezza imposti dall'UE negli alimenti ready-to-eat analizzati (**Figura 1**). La *Salmonella* resta l'agente eziologico più frequentemente rilevato ma il numero di focolai dovuti a *S. Enteritidis* è diminuito. Il maggior numero di focolai a "forte evidenza" è stato provocato da contaminazioni da Norovirus nel pesce o in altri prodotti della pesca. Complessivamente è stato riportato un totale di 5.175 focolai di tossinfezione alimentare.

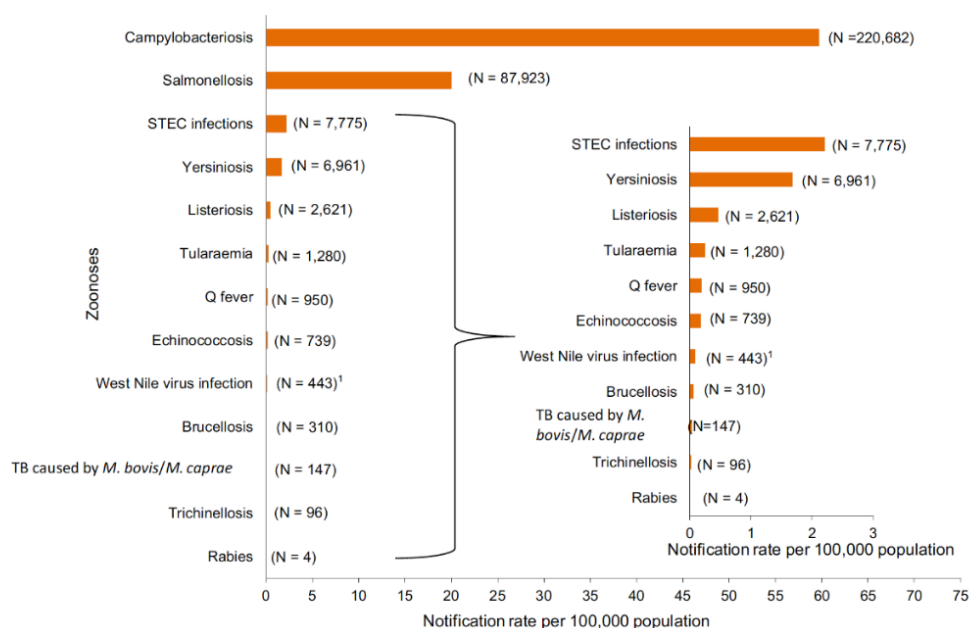


Figura 1- Numero e tasso delle notifiche di zoonosi umane riportate nell'Unione Europea per l'anno 2019. Il numero totale di casi confermati è indicato tra parentesi alla fine di ogni grafico ad eccezione delle infezioni da virus West Nile per le quali è riportato il numero di casi totali (1). Fonte: "The European Union One Health 2019 Zoonoses Report". doi: 10.2903/j.efsa.2021.6406

Disease	Number of confirmed human cases	Hospitalisation				Deaths			
		Status available (%)	Number of reporting MS ^(b)	Reported hospitalised cases	Proportion hospitalised (%)	Outcome available (%)	Number of reporting MS ^(b)	Reported deaths	Case fatality (%)
Campylobacteriosis	220,682	29.1	16	20,432	31.8	78.0	17	47	0.03
Salmonellosis	87,923	44.5	15	16,628	42.5	71.8	17	140	0.22
STEC infections	7,775	37.3	18	1,100	37.9	61.0	20	10	0.21
Yersiniosis	6,961	27.4	15	648	33.9	57.0	14	2	0.05
Listeriosis	2,621	51.1	19	1,234	92.1	65.1	20	300	17.6
Tularaemia	1,280	22.8	12	149	51.0	21.6	13	1	0.36
Echinococcosis	739	33.3	14	109	44.3	31.4	14	2	0.86
Q fever	950	NA ^(c)	NA	NA	NA	67.3	13	4	0.63
West Nile virus infection ^(a)	443	83.7	9	347	93.5	99.3	11	52	11.8
Brucellosis	310	44.5	11	98	71.0	36.8	12	2	1.75
Trichinellosis	96	16.7	5	6	37.5	25.0	7	1	4.20
Rabies	4	NA ^(c)	NA	NA	NA	75.0	3	3	100.0

MS: Member State.

(a): Instead of confirmed human cases, the total number of human cases was included.

(b): Not all countries observed cases for all diseases.

(c): NA: Not applicable as the information is not collected for this disease.

Tabella 32 - Ospedalizzazioni e casi di morte dovuti a zoonosi nella UE nell'anno 2019.

Serovar	2019			2018			2017		
	Cases	MSs	%	Cases	MSs	%	Cases	MSs	%
Enteritidis(*)	39,865	27	50.3	39,781	27	49.9	38,780	27	49.2
Typhimurium(*)	9,404	27	11.9	10,395	27	13.0	10,589	27	13.4
Monophasic Typhimurium 1.4.[5].12:i:-(*)	6,491	18	8.2	6,427	17	8.1	6,322	16	8.0
Infantis(*)	1,924	26	2.4	1,859	26	2.3	1,803	26	2.3
Newport	870	24	1.1	1,086	21	1.4	920	24	1.2
Derby	721	23	0.9	710	23	0.9	612	23	0.8
Stanley	560	19	0.7	521	22	0.7	554	21	0.7
Kentucky	545	24	0.7	663	22	0.8	617	19	0.8
Napoli	508	18	0.6	457	15	0.6	406	17	0.5
Agona	503	20	0.6	602	18	0.8	645	20	0.8
Virchow(*)	477	21	0.6	541	24	0.7	510	21	0.6
Coeln	455	18	0.6	443	20	0.6	265	21	0.3
Bovismorbificans	454	19	0.6	465	18	0.6	344	20	0.4
Java	440	14	0.6	415	16	0.5	387	16	0.5
Mikawasima	415	15	0.5	216	13	0.3	175	13	0.2
Chester	350	17	0.4	369	19	0.5	329	18	0.4
Bareilly	321	17	0.4	299	16	0.4	427	18	0.5
Saintpaul	302	20	0.4	324	20	0.4	330	21	0.4
Branderup	300	18	0.4	259	17	0.3	260	18	0.3
Hadar(*)	298	17	0.4	312	20	0.4	334	19	0.4
Other	14,097	—	17.8	13,556	—	17.0	14,288	—	18.1
Total	79,300	27	100.0	79,700	27	100.0	78,897	27	100.0

MS: Member State.

(*): Target *Salmonella* serovars in poultry populations.

Source(s): 27 MS: Austria, Belgium, Croatia, Cyprus, Czechia, Denmark, Estonia, Finland, France, Germany, Greece, Hungary, Ireland, Italy, Latvia, Lithuania, Luxembourg, Malta, the Netherlands, Poland, Portugal, Romania, Slovakia, Slovenia, Spain, Sweden, the United Kingdom; and two non-MS: Iceland and Norway.

Tabella 33 - Distribuzione dei casi confermati di salmonellosi umana nell'UE/EEA nel triennio 2017-19 rispetto ai 20 sierotipi più frequenti nel 2019.

SALMONELLA

Salmonellosi nell'uomo

Nel 2019 sono stati segnalati 87.923 casi confermati di salmonellosi (**Figura 1**), con un conseguente tasso di notifica di 20,0 casi per 100.000 abitanti (stesso livello dell'ultimo quinquennio). In totale sono stati riportati da 23 Stati Membri dell'UE 926 focolai da tossinfezioni alimentari, associati a 9.169 casi confermati, 1.915 ospedalizzazioni (il 50,5% del totale delle ospedalizzazioni) e sette decessi (**Tabella 32**). La maggioranza (72,4%) dei casi di salmonellosi correlati a focolai alimentari è stata causata da *S. Enteritidis*. Gli alimenti maggiormente implicati nei focolai di salmonellosi a forte evidenza sono risultati le uova e i prodotti a base di uova, prodotti da forno, carne di maiale e alimenti misti, come negli anni precedenti. In particolare, un ampio focolaio europeo di *S. Enteritidis* associato al consumo di uova polacche contaminate è stato confermato in 14 paesi dell'UE e dell'Area Economica Europea (EEA) nel 2016. La Polonia ha implementato le misure di controllo ed i casi sono diminuiti nel 2017 ma hanno iniziato ad aumentare di nuovo alla fine dello stesso anno. È verosimile che questo focolaio multinazionale esistesse già a partire dal 2012 e fosse ancora in corso nel 2019.

I tre sierotipi più comunemente riportati sono stati la *S. Enteritidis* (50,3%), la *S. Typhimurium* (11,9%) e la *S. Typhimurium monofasica* (1,4,[5],12:i:-) (8,2%), pari al 70,3% dei 79.300 casi confermati tipizzati nel 2019. La *S. Infantis* è risultata il quarto sierotipo più comune (2,4%), seguito dalla *S. Newport* (1,1%) e dalla *S. Derby* (0,9%) (**Tabella 33**).

Salmonella negli alimenti per l'uomo

In base ai dati collezionati nel contesto del Reg. (CE) 2073/2005 sui criteri microbiologici di sicurezza alimentare e considerando i campioni raccolti in fase di vendita al dettaglio, i positivi per la presenza di salmonella da controllo ufficiale sono stati registrati su matrici alimentari appartenenti alle categorie: "carne macinata e preparazioni di carne da pollame destinate ad essere consumate cotte" (60/725, 8,3%), "carne fresca di pollo" (89/2.533, 3,5%), "molluschi bivalvi vivi ed echinodermi, tunicati e gasteropodi vivi" (4/176, 2,3%), "frutta e ortaggi pretagliati" (pronti al consumo) (10/461, 2,2%), "gelati" (8/834, 2,1%), "alimenti in polvere per lattanti e alimenti dietetici in polvere a fini medici speciali" (10/718, 1,4%), "preparazioni di carne destinate ad essere consumate crude

(6/466, 1,3%)”, “carne macinata e preparazioni di carne da animali diverse dal pollame destinate ad essere consumate crude” (29/2944, 1.0%), “semi germogliati (pronti al consumo)” (1/133, 0,8%), “carne macinata e preparazioni di carne destinate ad essere consumate crude” (1/158, 0,6%) e “crostacei e molluschi cotti (1/330, 0,3%).

Considerando i dati collezionati in fase di produzione (es: impianti di sezionamento e trasformazione), la categoria delle “preparazioni a base di carne di pollame destinate ad essere consumate cotte” ha mostrato una percentuale di campioni positivi del 27,8% (10/36). Ulteriori positività per salmonella sono state riscontrate nel 9,2% (6/65) dei campioni di alimenti appartenenti alla categorie: “carni separate meccanicamente”, “carne fresca di pollame” (2,5%, 6/292), “carne macinata e preparazioni di carne da pollame destinate ad essere consumate cotte” (2,1%, 16/759), “formaggi, burro o panna ottenuti da latte crudo o da latte sottoposto a trattamento termico a temperatura più bassa della pastorizzazione” (0,7%, 8/114), “preparazioni di carne destinate ad essere consumate crude” (0,6%, 3/482) e “carne macinata e preparazioni di carne da animali diverse dal pollame destinate ad essere consumate cotte” (0,4%, 15/3.399).

Salmonella negli animali

Dai dati ricavati dai piani nazionali di controllo della salmonellosi nel pollame per l'anno 2019 si evince un aumento dei livelli generali di positività per salmonella rispetto agli anni precedenti. In particolare, per quanto riguarda la categoria dei riproduttori *Gallus gallus*, il 2,34% dei gruppi testati è risultato positivo per *Salmonella*, rispetto al 2,03% del 2018 e all'1,89% del 2017.

Si è anche registrato un leggero aumento delle positività per uno dei 5 sierotipi target (*S. Typhimurium* compresa la variante monofasica, *S. Enteritidis*, *S. Infantis*, *S. Hadar* e *S. Virchow*) arrivando ad una prevalenza dello 0,62% rispetto allo 0,54% del 2018. Il sierotipo più frequentemente riportato è stato la *S. Enteritidis* (prevalenza dello 0,36%), in particolare in Polonia (54,7% dei gruppi positivi).

Tra tutti i paesi notificanti la Bulgaria, la Croazia, l'Irlanda, la Polonia e la Slovenia non hanno raggiunto l'obiettivo di riduzione della prevalenza dei 5 sierotipi target al di sotto dell'1% (Reg. CE 2160/2003 e Reg. UE 200/2010).

Per quanto riguarda i gruppi di galline ovaiole, nel 2019 è stato registrato un calo generale di positività rispetto all'anno precedente (dal 4,04% al 3,9%), mentre la prevalenza dei due sierotipi target (*S. Typhimurium* compresa la variante monofasica ed *S. Enteritidis*) è leggermente aumentata (dall'1,1% all'1,25%). Quattro paesi (Bulgaria, Croazia, Polonia e Spagna) non hanno raggiunto gli obiettivi di riduzione dei sierotipi target (Reg. CE 2160/2003 e Reg. UE 517/2011).

Nei polli da carne (Reg. CE 2160/2003 e Reg. UE 200/2012), la *Salmonella* è stata rilevata nel 3,63% dei gruppi testati con un aumento rispetto al 2018 (3,49%). Tutti i paesi notificanti hanno raggiunto l'obiettivo di riduzione della prevalenza al di sotto dell'1% dei sierotipi target *S. Enteritidis* e/o *S. Typhimurium*, ad eccezione della Repubblica Ceca, come nel 2018.

Nei gruppi di tacchini da riproduzione si è registrato un marcato aumento dei livelli di positività per *Salmonella* (2,63% nel 2017, 3,85% nel 2018, 5,19% nel 2019), in particolare in Spagna (30,43% dei gruppi positivi). *S. Typhimurium* è risultato l'unico dei cinque sierotipi target notificato. Tutti i paesi notificanti hanno raggiunto il loro obiettivo di riduzione. Infine, nei gruppi di tacchini da ingrasso testati, la positività per *Salmonella* è stata riscontrata nel 5,84% dei casi, con un calo rispetto al 2018 (6,32%). La prevalenza dei sierotipi target è risultata dello 0,18% per *S. Typhimurium* e dello 0,06% per *S. Enteritidis*, mantenendo livelli simili all'anno precedente. Tra tutti i paesi notificanti, solo il Belgio non ha raggiunto l'obiettivo di riduzione.

Positività per *Salmonella* sono state segnalate anche in altre specie animali, tra cui anatre, oche, suini e bovini.

Salmonella negli alimenti per animali

La prevalenza complessiva di positività alla *Salmonella* nelle forniture di "mangimi di origine animale e vegetale" nel 2019 nell'UE è risultata pari al 2,46%.

Nei mangimi composti (mangime finito per animali), la prevalenza di unità positive alla *Salmonella* è stata dell'1,64% dei campioni testati per pollame, lo 0,92% di quelli testati per bovini e dell'1,23% di quelli analizzati per i suini. Per quanto riguarda i mangimi per animali diversi da suini, bovini e pollame, la prevalenza di unità positive alla *Salmonella* nell'UE è stata dell'1,32%. Mentre in mangimi per animali domestici è risultata del 9,4%.

Salmonella nei focolai di tossinfezione alimentare

Anche nel 2019 la *Salmonella* è risultato l'agente patogeno più frequentemente identificato in focolai di tossinfezione alimentare (N=926, 17,9%) (**Figura 2**). Tra i focolai di salmonellosi con informazioni disponibili in merito ai sierotipi, *S. Enteritidis* è risultato il sierotipo predominante (72,4%), seguito da *S. Typhimurium* (14%), *S. Typhimurium* monofasica (2%) e *S. Infantis* (1,7%).

Rispetto al totale dei focolai di salmonellosi a forte evidenza, ne sono stati notificati 98 in associazione al consumo di uova e derivati, 72 al consumo di carne e derivati, 31 al

consumo di prodotti da forno, 23 al consumo di alimenti misti e 12 al consumo di alimenti di origine non animale.

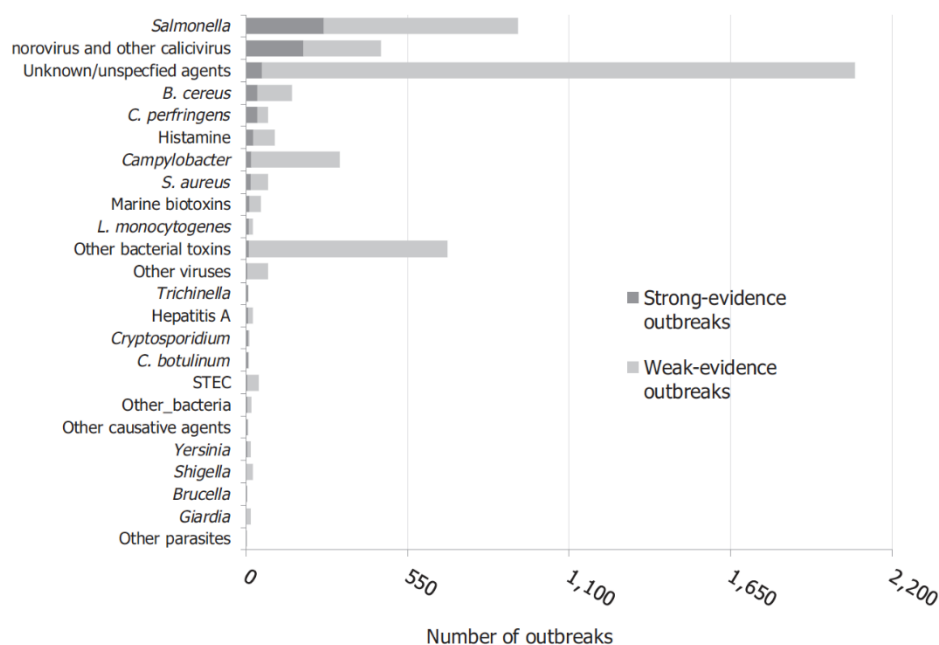


Figura 2 - Distribuzione dei focolai di tossinfezione alimentare per agente causale, negli Stati Membri notificati per l'anno 2019.

LISTERIA

Listeriosi nell'uomo

La listeriosi umana è una zoonosi relativamente rara ma grave, con elevati tassi di morbilità, ospedalizzazione e mortalità nelle popolazioni vulnerabili (persone con compromissione del sistema immunitario, anziani, neonati e donne in gravidanza).

Nel 2019, 28 Stati Membri hanno riportato 2.621 casi umani di listeriosi invasiva con un tasso di notifica nell'UE pari a 0,46 casi per 100.000 abitanti, stabile rispetto al 2018. Le infezioni da listeria sono state maggiormente riportate nelle categorie degli over 84. Il tasso di mortalità globale nell'UE è risultato elevato (17,6%) ed è aumentato rispetto al 2018 (13,6%) ed al 2017 (15,6%). Nel 2019, il numero di focolai causati da *L. monocytogenes* (N=21) è aumentato del 50% rispetto al 2018 (N=14). La relativa morbilità ha subito un notevole incremento passando da 748 casi totali notificati nell'UE tra il 2010 ed il 2018 (in media 83,4/anno) a 349 casi nel solo 2019 (**Figura 2**). Quest'aumento è dovuto principalmente a 3 focolai di tossinfezione rilevati in Spagna, associati a 225 casi confermati, 131 ospedalizzazioni e 3 decessi.

Listeria negli alimenti e negli animali

In totale 14 Stati Membri hanno riportato dati sulla rilevazione di *L. monocytogenes* in accordo ai criteri microbiologici di sicurezza alimentare regolamentati dal Reg (CE) 2073/2005 per 11 categorie di cibi "Ready to Eat" dove *L. monocytogenes* è stata rilevata sia tramite indagini qualitative (presenza/assenza) che quantitative (UFC/g). In particolare, tra i lotti di prodotti campionati in fase di vendita al dettaglio, quelli maggiormente contaminati sono risultati i prodotti fermentati a base di carne (2,1%), seguiti dal pesce (1,9%) ed altri prodotti della pesca (1,5%), da prodotti a base di carne non fermentati (0,65%) e formaggi (0,40%). Le non conformità rilevate in fase di lavorazione hanno interessato principalmente i formaggi a pasta dura (8,9%), il pesce (5,8%) e i prodotti della pesca (2,5%), i prodotti a base di carne non fermentati (2,5%), altre categorie di formaggi (1,2%) e formaggi a pasta molle (0,7%).

Nel 2019, 14 stati hanno riportato dati su differenti categorie animali (da produzione alimentare, selvatici, animali dello zoo e da compagnia, compresi i volatili). La maggioranza dei dati raccolti ha riguardato i bovini (82%), gli ovini (11%) e i suini (3%). In totale, considerando complessivamente le tre unità di campionamento ("animale", "mandria/gregge" e "azienda") su 17.516 unità testate per *Listeria* spp. 246 sono risultate

positive (1,4%). Tra queste ultime, 67 (27,2%) sono state segnalate come positive per *L. monocytogenes*, 4 per *L. innocua* (1,6%) e 2 per *L. ivanovii* (0,8%).

Listeria: focolai di tossinfezione alimentare

L'impatto dei focolai di tossinfezioni causate da *L. monocytogenes* nell'UE è stato notevole poiché questo agente è risultato responsabile di 349 casi di malattia e più del 50% del totale dei decessi associati a focolai (31 decessi pari a 10 decessi in più rispetto al 2018 e 29 in più rispetto al 2017) (**Figura 2**). Il numero di focolai, casi e ricoveri associati all'infezione da *L. monocytogenes* nell'UE è aumentato costantemente nel quadriennio 2016 - 2019. Tale aumento è principalmente riconducibile al verificarsi di 3 focolai in Spagna, associati ad un totale di 225 casi, 131 ricoveri e 3 decessi (rispetto a nessun caso segnalato nel 2018). Tra questi, il focolaio più esteso ha interessato la regione spagnola dell'Andalusia (189 casi confermati), che ha avuto inizio nel 2019 ed è risultato collegato al consumo di carne di maiale arrosto.

ESCHERICHIA COLI STEC

E. coli STEC nell'uomo

Nel 2019, nell'UE sono state riportati 7.894 casi di infezioni da STEC, compresi 7.775 casi confermati. Il tasso di notifica è stato di 2,2 casi ogni 100.000 abitanti, molto simile al livello raggiunto nel 2018 (2,3 casi ogni 100.000 abitanti). La maggior parte delle infezioni è stata contratta nell'UE (62,2% di casi domestici o durante viaggi all'interno dell'UE, 9,7% durante viaggi al di fuori dell'UE ed il 28,2% con origine non nota). Dei 2.903 casi con dati disponibili sulle ospedalizzazioni il 37,9% è risultato ricoverato. Il caratteristico trend stagionale caratterizzato da un aumento di casi nei mesi estivi si è riconfermato anche nel 2019. Come negli anni precedenti il sierogruppo più comunemente riportato è stato l'O157 (26,6% dei casi con sierogruppo noto). Il secondo sierogruppo più comune è risultato l'O26, che ha mostrato una frequenza leggermente inferiore rispetto al 2018, ma i cui livelli sono stabilmente aumentati dal 2012 (11,6%) al 2019 (16%). Seguono, in ordine di frequenza, i sierogruppi O146, O103, O91, O145 e l'O128 (compresa la variante O128ab).

Nel 2019, sono stati riportati 10 decessi dovuti a infezione da STEC (nel 2018 ne erano stati riportati 11). I sierogruppi ed i sottotipi dei geni stx associati ai casi di decesso sono stati l'O157 (Stx2a), l'O145 (Stx1a, Stx2a) e l'O8 (Stx2d). Per sette di questi casi il sierogruppo non è stato specificato.

E. coli STEC negli alimenti e negli animali

Per quanto riguarda la ricerca di *E. coli* STEC in semi germogliati, in riferimento al Reg. (CE) 2073/2005, sono stati segnalati 78 campioni prelevati presso impianti di trasformazione e 253 unità campionate al dettaglio dalle autorità competenti (campionamento ufficiale) di sei Stati membri, senza risultati positivi. Ulteriori dati di monitoraggio relativi alla categoria degli alimenti pronti al consumo hanno indicato un maggior livello di positività in prodotti a base di carne bovina (1,48%), in latte e derivati (0,79%) ed in spezie ed erbe (0,29%). Per la categoria dei prodotti non pronti al consumo, le percentuali di positività sono state pari al 3,16% per la carne fresca bovina, al 6,72% per la carne fresca suina, al 16,67% per la carne di capra, al 11,64% per la carne di pecora, al 3,86% per latte e derivati e all'0,11% per vegetali, frutta e succhi. I sierogruppi più frequentemente identificati nella carne bovina sono risultati l'O113, l'O13, l'O55, l'O91, l'O26 e l'O174. Nella carne ovina e caprina i sierogruppi più comuni

sono stati l'O146, seguito dall'O157, l'O113, l'O8, l'O26 e l'O15. Nei campioni positivi di carne suina è stato identificato solo il sierogruppo O157, che è risultato il sierogruppo più frequente anche negli isolati da prodotti e preparati a base di carne. Nel latte e suoi derivati sono stati identificati isolati appartenenti ai sierogruppi O26, O157 e O181. In frutta e vegetali è stato rilevato il sierogruppo O88.

Nel 2019, 2.588 unità campione di animali (animali, mandrie o greggi) sono state testate per STEC da 9 Stati membri. Nel complesso, la presenza di STEC è stata riportata nel 14,1% del totale, considerando l'intero set di dati. Come osservato negli anni precedenti, la categoria animale maggiormente testata nel 2019 è stata quella dei bovini, (62,4% dei campioni animali) con il 17,1% di positivi (sierogruppi O157, O26, O111 e O145). Per quanto riguarda le restanti categorie, il 53,8% delle 104 unità di campionamento di suini (sierogruppi O157, O1, O2, O45, O103 e O24) si è rivelato positivo per STEC, seguito dai piccoli ruminanti con 61 campioni di pecore e capre (14,8% positivi) e 270 campioni di cervo con 11 unità positive.

E. coli STEC nei focolai di tossinfezione alimentare

Gli *E. coli* STEC rappresentano il terzo agente batterico (dopo il *Campylobacter* e la *Salmonella*) più frequentemente rilevato nei focolai di tossinfezioni alimentari nell'UE, con 42 focolai (di cui 4 a forte evidenza), 273 casi, 50 ricoveri e 1 decesso segnalati nel 2019 (**Figura 2**). Solo per 17 focolai (40,5%) sono state fornite informazioni sul sierogruppo. Sebbene quest'ultimo non sia considerato da tempo un predittore valido di virulenza, esso svolge tuttavia un ruolo importante in qualità di marcatore epidemiologico. In particolare, sono stati identificati *E. coli* STEC O157 in 9 focolai, O26 in 7 focolai (di cui uno a forte evidenza segnalato in Islanda) ed O145 in un focolaio.

Come negli anni precedenti, anche nel 2019 gli STEC sono stati i principali agenti patogeni legati a focolai di tossinfezioni alimentare in Irlanda.

YERSINIA

Yersinia nell'uomo

Nel 2019, la yersiniosi è stata la quarta malattia zoonotica a trasmissione alimentare più comunemente segnalata nell'UE/AEE. Per il 2019, 7.048 casi confermati di yersiniosi (causati da *Y. enterocolitica* e *Y. pseudotuberculosis*) sono stati segnalati da 29 paesi dell'UE/AEE con un tasso complessivo di 1,7 casi per 100.000 abitanti. Tra le due specie patogene, la *Y. enterocolitica* ha causato la maggior parte delle infezioni umane (99%). Dieci paesi hanno segnalato un totale di 74 casi di *Y. pseudotuberculosis* nel 2019. Come negli anni precedenti, la Germania ha registrato il maggior numero di casi, seguita dalla Francia. Il 34% dei 1.993 casi di yersiniosi con informazioni note è stato ricoverato in ospedale. Di 4.028 casi con esito noto, due sono deceduti, con una mortalità dello 0,05%. Entrambi i casi erano maschi nella fascia di età > 65 anni.

Yersinia negli alimenti e negli animali

Per il 2019, la maggior parte degli alimenti pronti al consumo campionati per la ricerca di *Yersinia* e segnalati da quattro Stati membri, appartenevano alla categoria "carne e prodotti a base di carne" (99,3%). In totale 76 campioni alimentari pronti al consumo sono risultati positivi a *Yersinia enterocolitica*: 75 da "carne e prodotti a base di carne" e uno da "altri prodotti alimentari trasformati e piatti preparati". I campioni positivi derivavano quasi tutti da carne mista bovina e suina (94,7%). I risultati riportati da cinque Stati membri su alimenti non pronti al consumo mostrano che le categorie di alimenti più frequentemente contaminate sono risultate quelle della "carne e prodotti a base di carne" (7,97% di positività) e del "latte e prodotti lattiero-caseari" (22,22% di positività).

Dati di monitoraggio riguardanti la presenza di *Yersinia enterocolitica* negli animali sono stati presentati da 7 stati in totale. Le statistiche indicano una proporzione di unità positive rispetto al totale di quelle testate pari allo 0,1% per i suini, lo 0,8% in altre categorie di bestiame domestico (alpaca, bovini, pollame, capre, renne, ovini, solipedi domestici) e al 3,0% in altre specie animali (animali da compagnia e selvatici).

Yersinia nei focolai di tossinfezione alimentare

Sette Stati membri hanno segnalato un totale di 15 focolai di yersiniosi di origine alimentare nel 2019, associati a 149 casi, 14 ricoveri e nessun decesso (**Figura 2**). Queste statistiche risultano simili a quelle degli anni precedenti. *Y. enterocolitica* è risultato l'agente eziologico di 14 di questi focolai. Tre di questi ultimi sono stati classificati come focolai "a forte evidenza". Il primo è stato segnalato dalla Svezia e ha coinvolto 37 casi associati ad un biosierotipo 4/O3 di *Y. enterocolitica* notificati tra febbraio e aprile del 2019. Il secondo è stato riportato dalla Danimarca, che ha segnalato 20 casi sostenuti dallo stesso biosierotipo nel mese di marzo 2019. Le analisi di sequenziamento dell'intero genoma (WGS) hanno confermato un ceppo epidemico comune in questi due paesi, associato alla categoria alimentare "ortaggi, succhi e altro". Studi epidemiologici e di tracciabilità effettuati in Danimarca indicano gli spinaci freschi come probabile fonte di contaminazione. Il terzo focolaio è stato riportato in Finlandia, ha interessato 3 casi ed è risultato associato al consumo di pasti a buffet.

CAMPYLOBACTER

Campylobacter nell'uomo

La campilobatteriosi è l'infezione gastrointestinale più comunemente segnalata nell'uomo nell'UE ed è così dal 2005. Nel 2019, il numero di casi confermati di campilobatteriosi umana è stato di 220.682 corrispondente a un tasso di notifica UE di 59,7 per 100.000 abitanti, il che rappresenta una diminuzione del 6,9% rispetto al tasso del 2018 (64,1 ogni 100.000 abitanti). La tendenza alla campilobatteriosi negli esseri umani è rimasta stabile (piatta) nel periodo 2015-2019. La maggior parte dei casi (94,4%) con origine nota dell'infezione, l'ha acquisita nell'UE. Le percentuali più alte appartengono alla categoria dei casi domestici (> 97%).

Le proporzioni più alte di casi associati a viaggi sono state segnalate dai paesi nordici: Finlandia (77,8%), Danimarca (44,1%), Svezia (56,3%), Islanda (57,0%) e Norvegia (54,8%). Tra i 14.501 casi associati a viaggi con dati disponibili, quasi la metà (48,1%) sono risultati legati a viaggi all'interno dell'UE, con la maggior parte delle infezioni acquisite in Spagna, Grecia e Italia.

Campylobacter negli alimenti e negli animali

In totale, sette Stati Membri hanno riportato nel 2019 i risultati dei campionamenti ufficiali raccolti nel contesto dei criteri di igiene di processo dettati dal Reg. (CE) 2073/2005, che riguardano dati quantitativi relativi alle pelli di collo di carcasse di polli da carne campionate presso i macelli. Dei campioni di carcasse di polli da carne refrigerate, 1.365 (41%) sono risultati positivi e 506 (15%) hanno superato il limite di 1.000 CFU/g. Tuttavia, la percentuale specifica di risultati quantificati che superavano tale limite variava ampiamente tra i diversi Stati notificanti (dallo 0 % al 34%).

Su un totale di 15.323 campioni di pelle del collo da carcasse di polli da carne refrigerate, 2.038 (13%) sono risultati positivi e 1.033 (7%) hanno superato il limite di 1.000 CFU/g con una percentuale specifica per Stato membro variabile dallo 0% al 14%.

Ulteriori dati di monitoraggio sugli alimenti indicano una proporzione di campioni positivi al *Campylobacter* dello 0,2% nei cibi pronti al consumo e del 20,6% per i cibi non pronti al consumo. Nel primo caso, la maggior parte dei dati raccolti ha riguardato la categoria "frutta, verdura e succhi" (27,3%), seguita da "altri prodotti alimentari trasformati e preparati piatti" (27,1%), "latte e prodotti lattiero-caseari" (22,2%) e "carne e prodotti a

base di carne "(8,9%). In totale, *Campylobacter* è stato rilevato in sei campioni alimentari pronti al consumo: due da latte crudo, due da "frutta, verdura e succhi", uno da "insalate" e uno da "altri prodotti alimentari trasformati e piatti preparati". Per quanto riguarda i prodotti non pronti al consumo, i risultati riportati hanno mostrato una maggiore frequenza di positività nella categoria "carne e prodotti a base di carne" (in particolare carne fresca di pollo da carne e di tacchino) rispetto a "latte e prodotti lattiero-caseari" e "frutta, verdura e succhi".

Nel 2019, in totale, 16 Stati membri e 4 non membri hanno riportato dati di monitoraggio sul *Campylobacter* negli animali. La maggior parte dei campioni proveniva da polli da carne e da bovini. Guardando alle diverse categorie animali testate, la proporzione più elevata di unità di campionamento positiva è risultata quella dei suini (58,58%), seguita dai polli da carne (13,27%), altre categorie animali (12,63%), bovini (9,28%), gatti e cani (6,85%).

Campylobacter nei focolai di tossinfezione alimentare

Campylobacter è risultato il terzo agente eziologico più frequentemente segnalato per focolai di origine alimentare a livello dell'UE, da 18 Stati membri, con 319 focolai comunicati all'EFSA, 1.254 casi di malattia, 125 ricoveri e nessun decesso. *C. jejuni* e *C. coli* sono stati identificati rispettivamente in 72 e 7 focolai. Tuttavia, la maggior parte dei focolai di campilobatteriosi di origine alimentare è stata segnalata senza informazioni inerenti alla specie di appartenenza (240 focolai: 75,2%). In totale sono stati riportati 301 focolai di campilobatteriosi "a debole evidenza" e 18 "a forte evidenza" (**Figura 2**). Otto di questi ultimi sono stati causati dal consumo di carne di pollo e tre dal consumo di latte.

La maggior parte delle segnalazioni di focolai di *Campylobacter* è derivata dalla Germania, dalla Francia e dall'Austria (N = 250; 78,4% di tutti i focolai di *Campylobacter*). I focolai erano prevalentemente eventi di piccole dimensioni, con meno di 10 casi (N = 298; 93,4%). Tuttavia, singoli focolai generali più ampi, che hanno incluso fino a 91 casi, sono stati segnalati da Danimarca, Francia, Germania, Spagna, Svezia e Regno Unito.

Bibliografia

- European Centre for Disease Prevention and Control. Yersiniosis. In: ECDC. Annual epidemiological report for 2019. Stockholm: ECDC; 2021.
- The European Union One Health 2019 Zoonoses Report. European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control. First published: 27 February 2021 <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6406>