

Rapporto bi-regionale di sorveglianza 2022

Centro di Riferimento Regionale per gli Enterobatteri Patogeni (CREP)

Laboratorio di Riferimento Regionale per i Patogeni a Trasmissione Alimentare
di origine Umana (LRPTAU)

Centro Regionale di Riferimento per *Listeria monocytogenes* della Regione
Toscana (CRRLm)



Autori: Maria Laura De Marchis, Silvia Vita, Gina Di Giampietro, Maria Grazia Marrocco, Emilia Rasile, Alessandro Di Sirio, Valeria Russini, Andrea Francesco De Bene, Carlo Corradini, Paola De Santis, Sarah Lovari, Tatiana Bogdanova, Laura Gasperetti, Paola Marconi e Teresa Bossù



Istituto Zooprofilattico Sperimentale
del Lazio e della Toscana M. Aleandri

Sommario

Introduzione: Il Centro di riferimento Regionale per gli Enterobatteri Patogeni (CREP), il Laboratorio di riferimento Regionale per i Patogeni a Trasmissione Alimentare di origine Umana (LRPTAU) ed il Centro di riferimento Regionale per <i>Listeria</i> <i>monocytogenes</i> (CRRLm).	4
Deliberazioni e riconoscimenti	4
Attività di laboratorio	5
Attività di sorveglianza	6
SALMONELLA 2022	8
<i>Salmonella</i> spp. di origine umana	8
<i>Salmonella</i> spp. di origine veterinaria	14
<i>Salmonella</i> spp. negli animali	17
<i>Salmonella</i> spp. negli alimenti, nei mangimi e nell'ambiente	18
Caratterizzazione dei ceppi di <i>Salmonella</i> spp. isolati da campioni del piano AMR	20
LISTERIA MONOCYTOGENES 2022.....	22
<i>Listeria monocytogenes</i> di origine umana	22
<i>Listeria monocytogenes</i> di origine veterinaria.....	24
YERSINIA ENTEROCOLITICA 2022	26
<i>Yersinia enterocolitica</i> di origine umana	26
<i>Yersinia enterocolitica</i> di origine alimentare	27
CAMPYLOBACTER 2022.....	28
<i>Campylobacter</i> spp. di origine umana	28
<i>Campylobacter</i> spp. di origine alimentare.....	29
ESCHERICHIA COLI STEC 2022.....	30
<i>Escherichia coli</i> STEC di origine umana	30
<i>Escherichia coli</i> STEC di origine alimentare.....	30
SHIGELLA 2022.....	31
VIBRIO 2022	31

APPENDICE - Dati dall'Europa: il Rapporto EFSA/ECDC sulle zoonosi in Europa 2021	32
Dati sulle zoonosi umane nel 2021	32
Campylobacter in Europa nel 2021	34
<i>Campylobacter spp. nell'uomo</i>	34
<i>Campylobacter spp. negli alimenti</i>	34
<i>Campylobacter spp. negli animali</i>	35
Salmonella in Europa nel 2021	37
<i>Salmonella spp. nell'uomo</i>	37
<i>Salmonella spp. negli alimenti</i>	37
<i>Salmonella spp. negli animali</i>	38
Listeria monocytogenes in Europa nel 2021	40
<i>Listeria monocytogenes nell'uomo</i>	40
<i>Listeria monocytogenes negli alimenti</i>	40
<i>Listeria monocytogenes negli animali</i>	41
Escherichia coli STEC in Europa nel 2021	43
<i>Escherichia coli STEC nell'uomo</i>	43
<i>Escherichia coli STEC negli alimenti</i>	43
<i>Escherichia coli STEC negli animali</i>	44
Yersinia in Europa nel 2021	46
<i>Yersinia nell'uomo</i>	46
<i>Yersinia negli alimenti</i>	46
<i>Yersinia negli animali</i>	46
PRODUZIONE SCIENTIFICA ANNO 2022	49

Introduzione: Il Centro di riferimento Regionale per gli Enterobatteri Patogeni (CREP), il Laboratorio di riferimento Regionale per i Patogeni a Trasmissione Alimentare di origine Umana (LRPTAU) ed il Centro di riferimento Regionale per *Listeria monocytogenes* (CRRLm).

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 (CREP), 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* spp. 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 malattie a trasmissione alimentare (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, tenuto conto 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* spp. 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 (LRMTA) e come Laboratorio di Riferimento Regionale dei seguenti patogeni a trasmissione alimentare di origine umana (LRPTAU): *Listeria monocytogenes*, *Campylobacter* spp., *Escherichia coli* STEC, *Yersinia enterocolitica*, *Vibrio* spp. e *Shigella* spp. Successivamente, con l’Atto di organizzazione Regionale n. G12436 del 12 ottobre 2021, è stato nominato il gruppo regionale per la gestione delle Malattie trasmesse da alimenti (MTA) di cui fanno parte referenti dell’Area Promozione della salute e prevenzione della Regione Lazio, del SERESMI, dell’IZSLT e delle ASL.

La Regione Toscana, con delibera N.734 del 27 giugno 2022, ha individuato, presso la presso la UOT Toscana Nord, il Centro Regionale di Riferimento per *Listeria monocytogenes* (CRRLm) di origine umana ed animale nell’ambito della Sicurezza Alimentare e della Sanità Pubblica Veterinaria della Regione Toscana, garantendo ogni professionalità nelle attività di ricezione e caratterizzazione di ceppi isolati nel contesto di MTA per il controllo programmato delle matrici alimentari e provenienti da casi clinici (Nota Regionale AOOGR/PT Prot. 0395330 Data 17/10/2022). Con successive note DGPRES 41736 del 5/10/2022 e DGPRES 43148 del 17/10/22 il Ministero della Salute ha individuato la competenza degli IZZSS, sia analitica (determinazione del sierogruppo e sequenziamento del genoma), che per il ritiro e la ricezione, da strutture sanitarie pubbliche e private, di ceppi isolati da casi clinici umani e animali, da alimenti ed ambiente attraverso le proprie sedi territoriali. L’obiettivo di tale organizzazione è quello di fornire all’ ISS le garanzie per un monitoraggio costante e continuativo degli isolamenti a livello territoriale.

Attività di laboratorio

Il CREP e il LRPTAU afferiscono alla Direzione Operativa UOC “Microbiologia degli Alimenti” dell’IZSLT. Presso questi laboratori si eseguono prove di sierotipizzazione con metodica di sieroagglutinazione rapida di isolati clinici e veterinari (alimentari, ambientali e animali) di *Salmonella* spp., *Yersinia enterocolitica*, *Shigella* spp., *L. monocytogenes* e *Vibrio cholerae*. Alla medesima Direzione Operativa afferiscono anche i laboratori di “Biotecnologia Applicata agli Alimenti” e “Diagnostica molecolare in sicurezza alimentare” presso i quali si eseguono prove di tipizzazione molecolare di *Salmonella* spp., di *Listeria monocytogenes* 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 così come la ricerca dei geni codificanti per le tossine stafilococciche e botuliniche e l’identificazione di specie batteriche (es: *Campylobacter* spp.) con metodiche in PCR e di sequenziamento diretto (Sanger). A partire dal 2019 è stata inoltre avviata l’attività di sequenziamento in NGS (Next Generation Sequencing) dei genomi degli

isolati batterici pervenuti al CREP e al LRPTAU (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);
- Caratterizzare i determinanti di patogenicità/virulenza/antibiotico-resistenza dei ceppi isolati.

Il CRRLm, presso la UOT Toscana Nord (Pisa), riceve dalle strutture sanitarie regionali e dalle sedi territoriali IZSLT della Toscana ed analizza, isolati batterici di *Listeria monocytogenes* di provenienza alimentare, animale e ambientale, oltre che di origine umana mediante: verifica della purezza e vitalità, tipizzazione sierologica, tipizzazione molecolare e fornisce dati di sequenza; gestisce la documentazione di accompagnamento, nel rispetto delle norme sul trattamento dei dati, alimenta le piattaforme informatiche dell'ISS (IRIDA Aries) per ceppi umani e del LNR IZSAM di Teramo (SEAP-BioinfoDB) per i ceppi alimentari, animali e ambientali, con i metadati associati e i dati analitici, restituisce informazioni all'autorità sanitaria regionale ed alle strutture sanitarie del territorio. Si avvale delle professionalità della Sede Centrale per le attività di sequenziamento (Laboratorio di Biotecnologia Applicata agli Alimenti) e di analisi bioinformatiche (CREP e LRPTAU).

Attività di sorveglianza

Il CREP e il LRPTAU partecipano alle attività delle reti di sorveglianza di laboratorio Enter-Net Italia 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 generi 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 di origine umana identificati come appartenenti al genere *Salmonella* spp., *Yersinia enterocolitica*, *Shigella*, e *Campylobacter* spp. 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 della sensibilità antimicrobica. I risultati relativi agli antibiogrammi sono restituiti al sistema di sorveglianza Enter-Net. Per quanto riguarda *Listeria monocytogenes*, il CREP e il LRPTAU rappresentano il punto di contatto per l'IZSLT con:

- il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria* di Teramo (IZSAM), a cui sono inviati tutti gli isolati di origine alimentare ed i relativi dati di sequenza, 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, il 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 avuto il duplice scopo di ottenere, in tempo reale, informazioni sui cluster molecolari associati a sospetti focolai epidemici di *L. monocytogenes* e di *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. Nel 2023, la UOS Diagnostica e caratterizzazione molecolare, il Laboratorio di Riferimento Nazionale (NRL-AR) e Centro di Referenza Nazionale per l'Antibiotico-resistenza (CRN-AR) (UOC Diagnostica Generale), hanno avviato una nuova attività progettuale, in collaborazione con la rete Enter-net Italia ed il LNR di *Campylobacter spp.*, volta alla caratterizzazione genomica delle popolazioni di *Campylobacter* zoonosici in Italia in Ottica One Health, con particolare riguardo alle Campylobatteriosi antibioticoresistenti, e allo sviluppo di un prototipo di rete di sorveglianza a livello locale nella Regione Lazio.

Il CRRLm contribuisce alle indagini epidemiologiche svolte in ambito regionale e nazionale per la sorveglianza sanitaria delle infezioni umane da *Listeria monocytogenes*; è punto di contatto con le strutture sanitarie della Regione Toscana: Presidi Ospedalieri, Policlinici Universitari, Laboratori IZSLT toscani, Laboratori di Sanità Pubblica e Laboratori di protezione ambientale.

Per la propria competenza regionale, alimenta con i relativi metadati e dati di sequenziamento NGS (ottenuti dai laboratori della Sede Centrale):

- il sistema informativo SEAP per il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria* di Teramo (IZSAM).
- la piattaforma IRIDA-ARIES, per l'Istituto Superiore di Sanità (Operational Contact Point dell'ECDC).

Collabora e fornisce supporto epidemiologico nel corso di eventi morbosi con i Dipartimenti di Prevenzione della Regione Toscana ed il Centro Regionale per le Tossinfezioni alimentari della Regione Toscana (CeRRTA);

Partecipa ad attività di coordinamento delle azioni e dei ruoli delle strutture sanitarie regionali operanti nel campo della Sicurezza Alimentare.

SALMONELLA 2022

Salmonella spp. di origine umana

Complessivamente gli isolati di *Salmonella* spp. notificati al sistema Enter-Net per l'anno 2022 sono stati 519 (425 per il Lazio e 94 per la Toscana, con un aumento rispettivamente del 24,6% e del 64% rispetto al 2021) (Grafico 1).

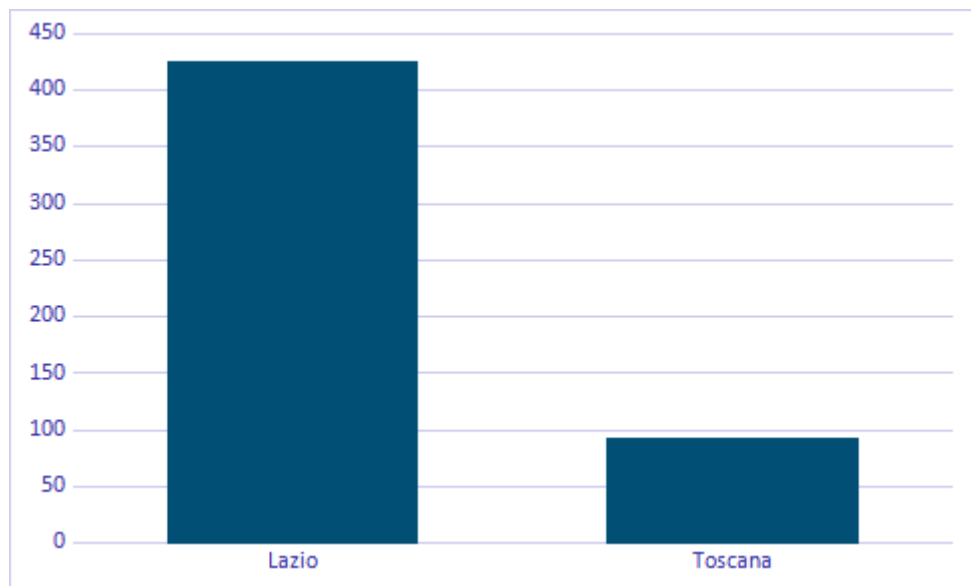


Grafico 1 - Numero degli isolati di origine umana di *Salmonella* spp. nell'anno 2022, in relazione alla regione di provenienza

I ceppi di *Salmonella* spp. 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 Lucca (Tabella 2). Le matrici biologiche più frequentemente positive sono risultate le feci ed il sangue (Grafico 2).

Strutture ospedaliere/laboratori Lazio	Numero di isolati
Laboratorio Analisi Lifebrain Lazio- Guidonia (RM)	100
Ospedale Bambino Gesù (RM)	53
Laboratorio Analisi Cliniche Caravaggio (RM)	29
Laboratorio Analisi Bios (RM)	25
Policlinico A. Gemelli (RM)	20

Strutture ospedaliere/laboratori Lazio	Numero di isolati
Policlinico Tor Vergata (RM)	19
Ospedale di Formia (LT)	16
Policlinico Umberto I (RM)	15
Policlinico Casilino (RM)	14
Ospedale San Camillo Forlanini (RM)	13
Ospedale Belcolle (VT)	10
Laboratorio gruppo Artemisia (RM)	9
Ospedale Sant'Eugenio (RM)	9
Ospedale G.B. Grassi di Ostia (RM)	8
Policlinico Campus Biomedico (RM)	7
Laboratorio Machiavelli Medical House (RM)	6
Ospedale San Pietro Fatebenefratelli (RM)	6
Polo Ospedaliero di Genzano di Roma E. De Santis (RM)	6
Ospedale San Filippo Neri (RM)	5
Ospedale Sandro Pertini (RM)	5
Laboratorio Analisi Cliniche Portuense (RM)	4
Laboratorio Casella-Grottaferrata (RM)	4
Laboratorio Gruppo U.S.I. (RM)	4
Ospedale S. Maria Goretti (LT)	3
Ospedale San Camillo De Lellis (RI)	3
Casa di cura Nuova S.Teresa (RM)	2
Laboratorio Analisi Cliniche G.Alessandrini (RM)	2
Laboratorio Biolab (RM)	2
Ospedale Civile di Tarquinia (VT)	2
Ospedale Madre Giuseppina Vannini (RM)	2
Ospedale San Carlo (RM)	2
Ospedale Sant'Andrea (RM)	2
Centro Sa.Na –Aprilia (LT)	1
Fondazione Santa Lucia (RM)	1
IFO Istituto Dermatologico San Gallicano (RM)	1
Laboratorio Analisi Aurelia (RM)	1

Strutture ospedaliere/laboratori Lazio	Numero di isolati
Laboratorio Analisi Cliniche Arenula (RM)	1
Laboratorio Analisi Lepetit (RM)	1
Laboratorio Axalab (RM)	1
Laboratorio Dott. G. Bugliosi-Albano (RM)	1
Laboratorio Namur (RM)	1
Laboratorio Ricerche Cliniche Clodio (RM)	1
Ospedale Civile di Acquapendente (VT)	1
Ospedale Colleferro (RM)	1
Ospedale Cristo re (RM)	1
Ospedale Civile Paolo Colombo-Velletri (RM)	1
INMI L.Spallanzani (RM)	1
Poliambulatorio C.G.H. Compagnie Generale des Hopitaux (RM)	1
Policlinico Luigi di Liegro (RM)	1
Presidio Ospedaliero Villa Albani di Anzio (RM)	1
Totale	425

Tabella 1 - Strutture conferenti e numero di isolati di *Salmonella* spp. di origine umana raccolti nella regione Lazio nel 2022

Strutture ospedaliere/laboratori Toscana	Numero di isolati
Azienda Usl Toscana nord ovest – Zona Piana di Lucca	26
Azienda Usl Toscana nord ovest (LI)	20
Azienda Ospedaliero-Universitaria Pisana U.O. Microbiologia Universitaria (PI)	18
Ospedale San Luca (LU)	16
Ospedale San Donato (AR)	7
Ospedali riuniti di Livorno (LI)	4
Azienda Usl Toscana Sud-Est - Aretina Casentino -Valtiberina	1
Azienda Usl Toscana Sud-Est - Senese	1
Ospedale di Cecina (LI)	1
Totale	94

Tabella 2 - Strutture conferenti e numero di isolati di *Salmonella* spp. di origine umana raccolti nella regione Toscana nell'anno 2022

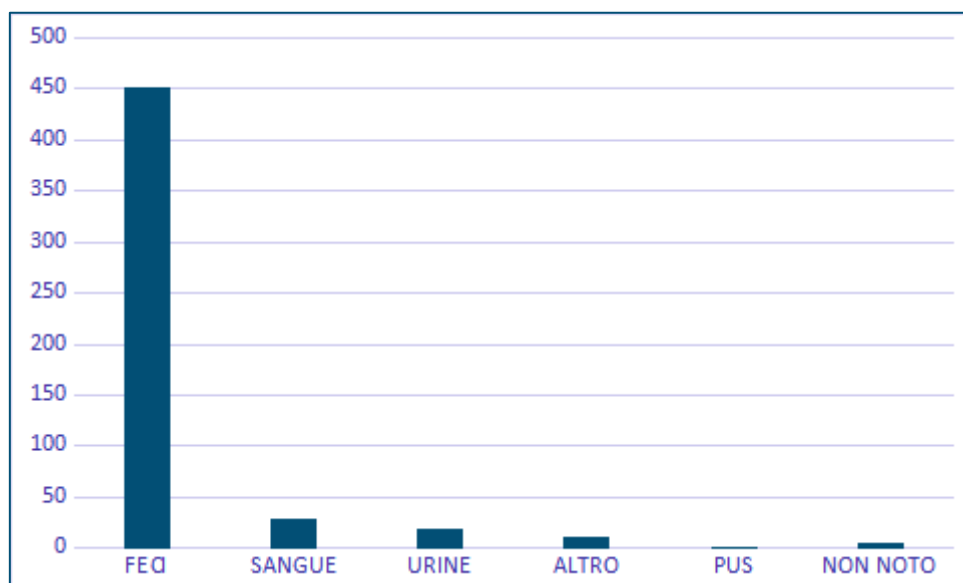


Grafico 2 – Matrici biologiche di isolamento di *Salmonella* spp. di origine umana

Nel 2022 i sierotipi più frequentemente isolati nell'uomo sono risultati *S. Typhimurium* variante monofasica, *S. Enteritidis* e *S. Infantis*, con un netto aumento della prevalenza di quest'ultimo rispetto all'anno precedente (18 isolati di *S. Infantis* collezionati nel 2021) (Tabella 3).

Sierotipo	Numero isolati	%
<i>S. Typhimurium</i> variante monofasica	158	30.4
<i>S. Enteritidis</i>	75	14.5
<i>S. Infantis</i>	43	8.3
<i>S. Typhimurium</i>	35	6.7
<i>S. Napoli</i>	24	4.6
<i>S. Derby</i>	20	3.9
<i>S. Brandenburg</i>	11	2.1
<i>S. Strathcona</i>	10	1.9
<i>S. Bredeney</i>	8	1.5
<i>S. Agona</i>	7	1.3
<i>S. Give</i>	5	1
<i>S. Newport</i>	5	1

Sierotipo	Numero isolati	%
S. Typhi	5	1
S. Braenderup	4	0.8
S. Goldcoast	4	0.8
S. Kentucky	4	0.8
S. Stanley	4	0.8
S. Subspii	4	0.8
S. Veneziana	4	0.8
S. Chester	3	0.6
S. Isangi	3	0.6
S. Kapemba	3	0.6
S. Kedougou	3	0.6
S. Montevideo	3	0.6
S. Panama	3	0.6
S. Adjame	2	0.4
S. Choleraesuis	2	0.4
S. Diarizonae	2	0.4
S. Litchfield	2	0.4
S. Livingstone	2	0.4
S. London	2	0.4
S. Muenchen	2	0.4
S. Rissen	2	0.4
S. Saintpaul	2	0.4
S. Senftenberg	2	0.4
S. Thompson	2	0.4
S. Urbana	2	0.4
S. Utah	2	0.4
S. Virchow	2	0.4
S. Agbeni	1	0.2
S. Albany	1	0.2
S. Anatum	1	0.2
S. Apeyeme	1	0.2

Sierotipo	Numero isolati	%
S. Blockley	1	0.2
S. Bonariensis	1	0.2
S. Bovismorbificans	1	0.2
S. Duesseldorf	1	0.2
S. Hadar	1	0.2
S. Havana	1	0.2
S. Heidelberg	1	0.2
S. Kenya	1	0.2
S. Lexington	1	0.2
S. Manhattan	1	0.2
S. Mbandaka	1	0.2
S. Meleagridis	1	0.2
S. Muenster	1	0.2
S. Orion	1	0.2
S. Sandiego	1	0.2
S. Teitelkebir	1	0.2
S. Tomegbe	1	0.2
S. Weltevreden	1	0.2
Altri sierotipi	21	4.0
Totale	519	100

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

Fasce d'età	F	M	Non noto
0-11 mesi	8	9	-
1-5 anni	48	63	1
6- 15 anni	48	54	1
16-65 anni	56	67	1
66+ anni	62	54	2
Non noto	13	12	-
Totale	255	259	5

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

Salmonella spp. di origine veterinaria

Nel corso del 2022 sono stati notificati dal CREP alla rete Enter-vet complessivamente 342 ceppi di *Salmonella* spp. di cui 181 (52,9%) provenienti dal Lazio, 160 (46,8%) dalla Toscana e 1 (0,3%) dalla Lombardia (Tabella 5). Anche in ambito veterinario il numero di isolati conferiti ha subito un notevole incremento per entrambe le regioni (+44,8% per il Lazio e +73,9% per la Toscana rispetto al 2021).

Gli isolati inviati al CREP provengono dai laboratori di diagnostica generale e di microbiologia degli alimenti della Sede Centrale e delle Sezioni del Lazio e della Toscana dell'IZSLT, da laboratori privati e da Università.

Regione	Numero isolati	%
Lazio	181	52.9
Toscana	160	46.8
Lombardia	1	0.3
Totale	342	100

Tabella 5 - Numero isolati di *Salmonella* spp. di origine veterinaria ripartiti per regione di provenienza

Specie	Subspecie	Alimento	Ambiente	Animale	Mangime	Non noto	Totale
<i>S. enterica</i>	<i>enterica</i>	168	3	138	1	-	310
	<i>salamae</i>	1	-	4	-	-	5
	<i>diarizonae</i>	4	-	8	-	-	12
	<i>houtenae</i>	-	-	2	-	-	2
	<i>S. non tipizzabile</i>	4	-	4	-	4	12
<i>S. bongori</i>	-	-	-	1	-	-	1
	Totale	177	3	157	1	4	342

Tabella 6 - Ripartizione per specie e sottospecie degli isolati di *Salmonella* spp. di origine veterinaria raccolti nell'anno 2022

In riferimento ai sierotipi clinicamente rilevanti, nel corso del 2022, la frequenza di isolamento di *S. Enteritidis* è aumentata rispetto all'anno precedente passando dal 0,5% al 3,2%. Anche i livelli di *S. Typhimurium* e della sua variante monofasica hanno registrato un leggero aumento, passando rispettivamente dal 3,2% al 5% e dal 3,2% al 4,7% (Tabella 7). Come l'anno precedente, non sono stati registrati isolamenti di *S. Virchow* e di *S. Hadar*.

Sierotipo	Numero isolati	%
<i>S. Infantis</i>	125	36.5
<i>S. Kentucky</i>	26	7.6
<i>S. Agona</i>	23	6.7
<i>S. Typhimurium</i>	17	5.0
<i>S. Typhimurium</i> variante monofasica	16	4.7
<i>S. Anatum</i>	12	3.5
<i>S. enterica</i> subsp. <i>diarizonae</i>	12	3.5
<i>S. Derby</i>	11	3.2
<i>S. Enteritidis</i>	11	3.2
<i>S. Abortusovis</i>	9	2.6
<i>S. Agama</i>	8	2.3
<i>S. Bredeney</i>	5	1.5
<i>S. enterica</i> subsp. <i>salamae</i>	5	1.5
<i>S. Dublin</i>	4	1.2
<i>S. Napoli</i>	4	1.2
<i>S. Blockley</i>	3	0.9
<i>S. Manhattan</i>	3	0.9

Sierotipo	Numero isolati	%
S. Strathcona	3	0.9
S. Eboko	2	0.6
S. Goldcoast	2	0.6
S. London	2	0.6
S. Mbandaka	2	0.6
S. Newport	2	0.6
S. Senftenberg	2	0.6
<i>S. enterica</i> subsp. <i>houtenae</i>	2	0.6
S. Albany	1	0.3
S. Bovismorbificans	1	0.3
S. Brunei	1	0.3
S. Choleraesuis	1	0.3
S. Coeln	1	0.3
S. Corvallis	1	0.3
S. Give	1	0.3
S. Halle	1	0.3
S. Isangi	1	0.3
S. Kasenyi	1	0.3
S. Litchfield	1	0.3
S. Livingstone	1	0.3
S. Mishmarhaemek	1	0.3
S. Rissen	1	0.3
S. Stanley	1	0.3
S. Stanleyville	1	0.3
S. Winston	1	0.3
S. bongori	1	0.3
Formula incompleta/non tipizzabile	13	3.8
Totale	342	100

Tabella 7 - Isolati di *Salmonella* spp. di origine veterinaria raccolti nel 2022 ripartiti per sierotipo e subspecie di appartenenza

Salmonella spp. negli animali

Sierotipo	BOVINO/ BUFALO	CANE	CINGHIALE	GALLINA OVAIOLA	MAM. SELVATICO	OVINO	POLLO	RETTILE	SUINO	TACCHINO	UCCELLO	TOTALE
S. Abortusovis						9						9
S. Agama					8							8
S. Agona				2						8		10
S. Anatum							1			2		3
S. Blockley					2							2
S. Bredeney											1	1
S. Choleraesuis									1			1
S. Coeln				1								1
S. Dublin	3											3
S. Eboko					2							2
S. Enteritidis				7		1	1		1			10
S. Goldcoast		1										1
S. Halle				1								1
S. Infantis				1			8				10	19
S. Kasenyi	1											1
S. Kentucky				24			1					25
S. London		1		1								2
S. Manhattan			2	1								3
S. Mbandaka				2								2
S. Mishmarhaemek				1								1
S. Napoli			2	1		1						4
S. Newport								1				1
S. Senftenberg		1		1								2
S. Stanley		1										1
S. Strathcona			2		1							3
S. Typhimurium	1			2	2		1				10	16
S. Winston								1				1
S. Typhimurium variante monofasica		1							1	2		4
Altri sierotipi			5	7		5		3				20
Totale	5	5	11	52	15	16	12	5	3	12	21	157

Tabella 8 - Numero e prevalenza dei principali sierotipi di *Salmonella* spp. nelle specie animali collezionati nel 2022

Sierotipo	Numero isolati	%
S. Agona	1	6.25
S. Coeln	1	6.25
S. Enteritidis	2	12.5
S. Kentucky	8	50.0
S. London	1	6.25
S. Mbandaka	2	12.5
S. Senftenberg	1	6.25
Totale	16	100

Tabella 9 - Sierotipi di *Salmonella* spp. isolati da feci di galline ovaiole nell'anno 2022

***Salmonella* spp. negli alimenti, nei mangimi e nell'ambiente**

Nel 2022 il sierotipo più frequentemente isolato da matrici alimentari analizzate per attività di controllo ufficiale e autocontrollo è risultato *S. Infantis*, prevalentemente riscontrato nella carne di pollame (106 isolati), seguito da *S. Agona* e *S. Typhimurium* variante monofasica (13 e 12 isolati, rispettivamente) (Tabella 10). Nel 2022 sono stati isolati anche 3 ceppi provenienti da tamponi ambientali (*S. Enteritidis*, *S. Kentucky*, *S. Litchfield*).

Sierotipo	POLLO	TACCHINO	SUINO	BOVINO	ITTICA	OVINO	ALTRO	TOTALE
S. Agona		12		1				13
S. Albany		1						1
S. Anatum	2	5	1				1	9
S. Blockley					1			1
S. Bovismorbificans							1	1
S. Bredeney	2	2						4
S. Brunei							1	1
S. Corvallis						1		1
S. Derby	2	3	5	1				11
S. Dublin				1				1
S. Give				1				1
S. Goldcoast	1							1
S. Infantis	90	3	4	1	1	1	6	106
S. Isangi			1					1
S. Livingstone	1							1
S. Newport	1							1
S. Rissen			1					1

Sierotipo	POLLO	TACCHINO	SUINO	BOVINO	ITTICA	OVINO	ALTRO	TOTALE
S. Typhimurium			1					1
S. Typhimurium VM		1	9	2				12
Altri sierotipi			2		2	3	6	13
Totale	99	27	24	7	4	5	15	181

Tabella 10 - Sierotipi prevalenti di *Salmonella* spp. isolati negli alimenti nel 2022

Per il 2022 sono stati collezionati tre ceppi di origine ambientale: un ceppo di *S. Litchfield* presso un'azienda agricola casearia, e due ceppi (*S. Enteritidis* ed *S. Kentucky*) presso un'azienda agricola di galline ovaiole (Tabella 11).

Sierotipo	Numero isolati
S. Enteritidis	1
S. Kentucky	1
S. Litchfield	1
Totale	3

Tabella 11 - Sierotipi prevalenti di *Salmonella* spp. isolati da tamponi/sponge ambientali nel 2022

Nell'anno 2022, è stato isolato soltanto un ceppo di *Salmonella* (*S. Stanleyville*) dai mangimi.

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 si prefigge di ottenere dati comparabili sulla prevalenza di resistenze agli antimicrobici negli agenti batterici isolati negli animali da produzione alimentare e negli alimenti (prelevati in fase di produzione primaria e di distribuzione) 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* spp. isolati da carni fresche (Tabella 12) e da campioni cecali di pollo e tacchino (Tabella 13) per l'anno 2022 e conferiti al CREP dal Centro di Referenza Nazionale (CRN-AR) e National Reference Laboratory for Antimicrobial Resistance (NRL-AR).

Sierotipo	Polli	Tacchini	Totale
S. Infantis	212	7	219
S. Agona	2	166	168
S. Bredeney	12	7	19
S. Newport		17	17
S. Anatum		14	14
S. Thompson	8		8
S. Chester		6	6
S. Typhimurium monofasica		6	6
S. Mbandaka	5		5
S. Kentucky	2	3	5
S. Blockley	3	1	4
S. Kedougou	1	3	4
S. Give	3		3
S. Derby		2	2
S. Kottbus		2	2
S. Cerro	1		1
S. Haardt	1		1
S. Albany		1	1
S. Coeln		1	1
S. Havana		1	1
S. Kalamu		1	1
S. Saintpaul		1	1
S. Stanley		1	1
S. Typhimurium		1	1
S. Veneziana		1	1
Non tipizzabile sierologicamente	7	1	8
Totale	257	243	500

Tabella 12 - Sierotipi di *Salmonella* spp. isolati nei campioni di carne fresche di pollo e tacchino, prelevate nell'ambito del piano AMR nell'anno 2022

Sierotipo	Polli da carne	Tacchini	Totale
S. Agona	2	153	155
S. Infantis	139	6	145
S. Anatum		14	14
S. Newport		14	14
S. Bredeney	4	6	10
S. Typhimurium monofasica		6	6
S. Chester		5	5
S. Mbandaka	5		5
S. Thompson	4		4
S. Blockley	2	1	3
S. Kentucky		3	3
S. Derby		2	2
S. Kottbus		2	2
S. Albany		1	1
S. Cerro	1		1
S. Coeln		1	1
S. Give	1		1
S. Haardt	1		1
S. Kedougou		1	1
S. Saintpaul		1	1
S. Typhimurium		1	1
S. Veneziana		1	1
Non tipizzabile sierologicamente	3	1	4
Totale	162	219	381

Tabella 13 - Sierotipi di *Salmonella* spp. isolati nei campioni cecali di pollo e tacchino prelevati nell'ambito del piano AMR nell'anno 2022.

LISTERIA MONOCYTOGENES 2022

Listeria monocytogenes di origine umana

Nel 2022 sono stati raccolti 48 isolati di origine umana di *L. monocytogenes* presso il LRPTAU, di cui 29 provenienti dal Lazio e 19 dalla Toscana (Tabella 14 e 15). Rispetto al 2022, si apprezza un significativo incremento dei ceppi collezionati dalla Toscana (8 ceppi collezionati nel 2021), parallelamente ad un aumento delle strutture conferenti (Tabella 15).

Strutture Ospedaliere/Laboratori	Numero di isolati
Campus Biomedico (RM)	1
Ospedale Acquapendente (VT)	1
Ospedale Bambino Gesù (RM)	1
Ospedale Belcolle (VT)	1
Ospedale Fatebenefratelli Isola Tiberina (RM)	1
Ospedale San Camillo Forlanini (RM)	3
Ospedale San Filippo Neri (RM)	2
Ospedale San Giovanni Addolorata (RM)	1
Ospedale San Paolo di Civitavecchia (RM)	1
Ospedale Sandro Pertini (RM)	1
Ospedale Santa M. Goretti (LT)	1
Ospedale Spallanzani (RM)	1
Policlinico Casilino (RM)	1
Policlinico Gemelli (RM)	6
Policlinico Tor Vergata (RM)	3
Policlinico Umberto I (RM)	4
Totale	29

Tabella 14 - Strutture conferenti e numero di isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nell'anno 2022 nella regione Lazio

Strutture Ospedaliere/Laboratori	Numero di isolati
AUOP – Microbiologia Batteriologica (PI)	2
Lab Piombino (LI)	1
Laboratorio Analisi Cliniche Ospedale San Luca (LU)	4
Laboratorio Analisi Microbiologia Ospedale Le Scotte (SI)	3
Laboratorio Microbiologia Ospedali Riuniti Valdichiana Senese (SI)	1
Microbiologia AOUP Pisa (PI)	2
Ospedale di Pescia (PT)	1

Strutture Ospedaliere/Laboratori	Numero di isolati
Ospedale di Piombino (LI)	1
Ospedale San Donato (AR)	1
Ospedale San Giovanni di Dio – Orbetello (GR)	1
UOSD Microbiologia – Ospedale Misericordia (GR)	1
UOSD Microbiologia (AR)	1
Totale	19

Tabella 15 - Strutture conferenti e numero di isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nell'anno 2022 nella regione Toscana

Le matrici biologiche più frequentemente positive sono risultate il liquor ed il sangue (Tabella 16). Anche nel 2022 gli over 70 hanno rappresentato la fascia d'età maggiormente colpita (Tabella 17).

Matrice	Numero isolati	%
Liquor	5	10.4
Liquor/Sangue	3	6.2
Sangue	40	83.3
Totale	48	100

Tabella 16 - Matrici di provenienza degli isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nel 2022

Fascia d'età	Sesso		Totale
	F	M	
< 1 mese	1	1	2
1-50 anni	3	2	5
52-70 anni	4	9	13
71-89 anni	10	13	23
91-95 anni	1	1	2
Non noto	-	3	3
Totale	19	29	48

Tabella 17 - Distribuzione per fascia d'età e per sesso dei casi relativi agli isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nel 2022

Il 2022 ha visto un'inversione di tendenza nelle frequenze dei sierotipi di *L. monocytogenes*. È stato infatti registrato un aumento nella frequenza del sierotipo 1/2a rispetto al 2021 (dal 31,7% al 56,3%) a dispetto di un calo registrato nella frequenza del sierotipo 4b/4e (dal 43,9% al 31,2%) e del sierotipo 1/2b (dal 21,9% al 10,4%). Non sono stati registrati casi di ceppi appartenenti al sierotipo 1/2c, già rilevato con basse frequenze nell'anno precedente (2,4%) (Grafico 3). L'aumento dei ceppi di tipo 1/2a è in parte ascrivibile al verificarsi di due focolai di *L. monocytogenes* diffusi nel territorio

nazionale nel 2022 e rispettivamente legati al consumo di wurstel crudi (ceppi appartenenti al ST 155) e di mortadella (ceppi appartenenti al ST8).

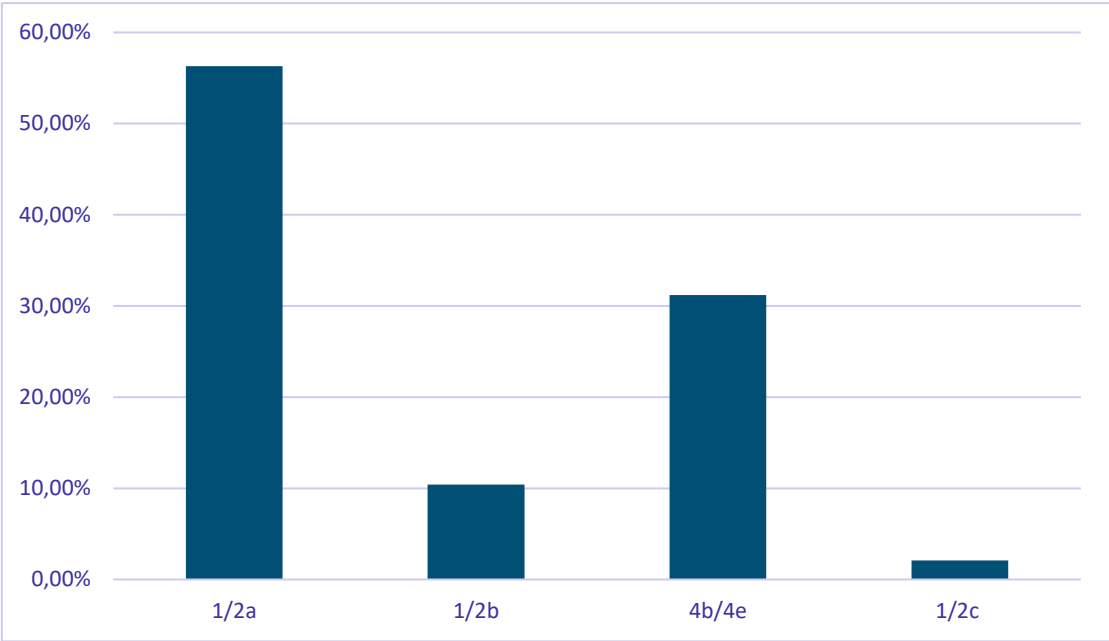


Grafico 3 – Distribuzione dei sierotipi degli isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nell’anno 2022

Listeria monocytogenes di origine veterinaria

Nell’anno 2022, sono complessivamente pervenuti al CREP 118 isolati di *L. monocytogenes* di origine veterinaria (provenienti da un totale di 38 campioni, di cui 8 toscani e 30 laziali) di cui 97 di origine alimentare (Tabella 18) e 18 di origine ambientale (Tabella 19).

La categoria di alimenti più frequentemente positiva per la presenza di *L. monocytogenes* è risultata anche nel 2022 quella dei prodotti e delle preparazioni a base di carne (38 isolati totali di cui 3 da carne di pollame, 29 da carne suina e 6 di carne bovina). Il sierotipo prevalentemente riscontrato negli alimenti è stato l’1/2c e nell’ambiente il 4b/4e (Tabella 19).

Matrice alimentare	Numero isolati /Sierotipo						Totale
	1/2a	1/2a	1/2b	1/2c	4b/4e	Non tipizzabile	
Latte e derivati	6		1		19	5	31
Prodotti/preparazioni a base di carne	6	1		27	4		38
Insalata di farro				1			1
Insalata russa	9						9
Prodotti ittici	4		8	2			14
Preparazioni gastronomiche a base di pesce					4		4
Totale	25	1	9	30	27	5	97

Tabella 18 - Distribuzione per matrice di provenienza e per sierotipo degli isolati di *L. monocytogenes* di origine alimentare collezionati nell'anno 2022

Gli isolati di origine ambientale sono riferibili alle seguenti tipologie di superficie, analizzate nell'ambito di 6 sedute ispettive:

- Piani d'appoggio tagliere scaffalature zona verdure (1 isolato)
- Tombino zona confezionamento (3 isolati)
- Sponge - tampone di superficie su griglia trasporta fette sala affett./conf. (3 isolati)
- Tampone ambientale pavimento (2 isolati)
- Tampone pozzetto scarico ingresso (1 isolato)
- Palo porchetta (2 isolati)
- Tavoli (2 isolati)
- Vassoio spezie (2 isolati)

Sierotipo	Numero isolati
1/2a	2
1/2b	1
1/2c	1
4b/4e	14
Totale	18

Tabella 19 - Distribuzione per sierotipo degli isolati di *L. monocytogenes* di origine ambientale collezionati nell'anno 2022

Nel 2022 è stato collezionato un isolato di *L. monocytogenes* da placenta ovina appartenente al sierotipo 4b/4e.

YERSINIA ENTEROCOLITICA 2022

Yersinia enterocolitica di origine umana

Nell'anno 2022 sono complessivamente pervenuti al LRPTAU 11 ceppi di *Y. enterocolitica* di origine umana (Tabella 20). La fascia d'età maggiormente colpita è stata quella dei bambini dai 2 agli 8 anni (Tabella 21). In tabella 22 è riportata la distribuzione degli isolati per sierogruppo d'appartenenza.

Strutture ospedaliere/laboratori	Numero isolati
Laboratorio Analisi Bios (RM)	2
Ospedale Bambino Gesù (RM)	6
Ospedale San Filippo Neri (RM)	1
Policlinico Umberto I (RM)	2
Totale	11

Tabella 20 - Strutture conferenti e numero di isolati di *Y. enterocolitica* di origine umana collezionati nell'anno 2022

Fascia d'età	F	M	Totale
0-23 mesi		2	2
2-8 anni	3	2	5
10-12 anni		2	2
35-77 anni	1	1	2
Totale	4	7	11

Tabella 21 - Distribuzione per fasce d'età e per sesso dei casi relativi agli isolati *Y. enterocolitica* di origine umana per l'anno 2022

Sierogruppo	Numero isolati
Sierogruppo O:3	4
Sierogruppo O:8	1
Non appartenente ai sierogruppi O1-O2, O3, O5, O8, O9	5
Ceppo in fase R	1
Totale	11

Tabella 22 - Distribuzione per sierogruppo di appartenenza degli isolati di *Y. enterocolitica* di origine umana per l'anno 2022

Si segnala la ricezione di un ceppo di *Yersinia pseudotuberculosis* isolata da una biopsia di ileo presso l'ospedale Bambino Gesù di Roma da un paziente di 2 anni.

Yersinia enterocolitica di origine alimentare

Nel 2022 sono stati conferiti al CREP 11 isolati di *Y. enterocolitica* di origine veterinaria (isolati da alimenti a base di insalata o altri vegetali). In tabella 23 è riportata la distribuzione degli isolati per sierogruppo d'appartenenza.

Sierogruppo	Numero isolati
Sierogruppo O:3	2
Non appartenente ai sierogruppi O1-O2, O3, O5, O8, O9	2
Ceppo in fase R	7
Totale	11

Tabella 23 - Distribuzione per sierogruppo di appartenenza degli isolati di *Y. enterocolitica* di origine alimentare per l'anno 2022

CAMPYLOBACTER 2022

Campylobacter spp. di origine umana

Nel 2022 sono stati complessivamente raccolti dal LRPTAU 206 isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana, prevalentemente appartenenti alla specie *C. jejuni* (82,5%) (Tabella 24). Il notevole incremento registrato rispetto al 2021 (155) è da attribuirsi principalmente ad un aumento dei laboratori conferenti del Lazio, e l'istituzione di nuove reti di sorveglianza in Toscana (Tabella 25 e 26). Le fasce d'età più colpite risultano quelle comprese tra i 3 ed i 40 anni (Tabella 27).

Specie	Numero isolati Lazio	%
<i>Campylobacter jejuni</i>	170	82.5
<i>Campylobacter coli</i>	19	9.2
<i>Campylobacter fetus</i>	1	0.5
<i>Campylobacter</i> spp	16	7.8
Totale	206	100

Tabella 24 – Distribuzione per specie d'appartenenza degli isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana collezionati nel 2022 nel Lazio e nella Toscana

Strutture	2022
Fondazione S. Lucia (RM)	1
Laboratorio Analisi Aurelia (RM)	2
Laboratorio Analisi Bios (RM)	67
Laboratorio Analisi Cliniche Caravaggio (RM)	1
Laboratorio Analisi Cliniche Portuense (RM)	1
Ospedale Bambino Gesù (RM)	72
Ospedale San Pietro Fatebenefratelli (RM)	1
Ospedale Sandro Pertini (RM)	7
Policlinico Casilino (RM)	19
Policlinico Tor Vergata (RM)	1
Policlinico Umberto I (RM)	10
Totale	182

Tabella 25 – Strutture conferenti e numero di isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana collezionati nell'anno 2022 nel Lazio

Strutture	2022
Azienda Usl Toscana Sud-Est - Aretina Casentino -Valtiberina	2
Ospedale San Donato di Arezzo (AR)	22
Totale	24

Tabella 26 – Strutture conferenti e numero di isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana collezionati nell’anno 2022 in Toscana

Fascia età	Numero isolati
0-2 anni	24
3-10 anni	42
11-20 anni	53
21-40 anni	46
41-60 anni	18
61-80 anni	16
Over 80	4
Non noto	3
Totale	206

Tabella 27 - Distribuzione per fasce d’età dei casi relativi agli isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana nell’anno 2022

Campylobacter spp. di origine alimentare

Nel corso dell’anno 2022, il CREP ha collezionato complessivamente 11 isolati di *Campylobacter* spp. principalmente appartenenti alla specie *C. coli* (Tabella 28). Come nell’anno precedente, la carne di pollo è risultata l’unica matrice contaminata da *Campylobacter* spp.

Specie	Numero isolati
<i>Campylobacter coli</i>	6
<i>Campylobacter jejuni</i>	4
<i>Campylobacter</i> spp.	1
Totale	11

Tabella 28 – Distribuzione per specie d’appartenenza degli isolati di *Campylobacter* spp. di origine alimentare collezionati nel 2022

ESCHERICHIA COLI STEC 2022

Escherichia coli STEC di origine umana

Nel 2021 sono pervenuti al LRPTAU 3 isolati di *E. coli* STEC di origine umana.

Ospedale	Isolati (gene/sierogruppo)
San Camillo Forlanini	1 (eae-/vtx1+/vtx2-/ND) 1 (eae-/vtx1a+/vtx2-/ND)
Policlinico Casilino	1 (eae+/vtx1-/vtx2+/O:157)
Totale	3

Tabella 29 – Distribuzione per positività alla presenza dei geni dell'intimina (eae) e delle verocitotossine 1 e 2 e per sierogruppo di appartenenza degli isolati di *E. coli* STEC di origine umana per l'anno 2022

Escherichia coli STEC di origine alimentare

Per l'anno 2022 sono stati collezionati due ceppi di *E. coli* STEC di origine alimentare presso il CREP, isolati da un campione di tartare di angus (vtx1+/vtx2+) e da un campione di carne ovina (vtx1+/vtx2+).

SHIGELLA 2022

Nel corso dell'anno 2022, il LRPTAU ha collezionato complessivamente 4 isolati di *Shigella* spp. di origine umana.

Specie	Laboratorio di provenienza	Matrice	Numero isolati
<i>Shigella boydii</i>	Ospedale S.Eugenio (RM)	Urine	1
<i>Shigella flexneri</i>	Laboratorio Lifebrain Guidonia (RM)	Urine	1
	Laboratorio Analisi Aurelia (RM)	Feci	1
<i>Shigella sonnei</i>	Ospedale Sandro Pertini (RM)	Feci	1
Totale			4

Tabella 30 - Isolati di *Shigella* spp. di origine umana ripartiti per specie di appartenenza collezionati presso il LRPTAU nel 2022

Non risultano isolamenti di *Shigella* spp. da alimenti per l'anno 2022.

VIBRIO 2022

Nel corso dell'anno 2022, il LRPTAU ha collezionato un ceppo di *Vibrio parahaemolyticus* di origine umana isolato da feci, nell'ambito di un'indagine epidemiologica per tossinfezione condotta nel territorio di Latina. Sono stati caratterizzati inoltre due isolati di *Vibrio cholerae*, ottenuti dalle feci del medesimo paziente ricoverato presso il Policlinico Casilino (RM) e, successivamente, presso l'INMI Lazzaro Spallanzani (RM). Il ceppo di *V. cholerae* è risultato appartenente al sierotipo Inaba, sierogruppo O1.

APPENDICE - Dati dall'Europa: il Rapporto EFSA/ECDC sulle zoonosi in Europa 2021

L'Autorità Europea per la Sicurezza Alimentare (EFSA) e il Centro Europeo per il Controllo delle Malattie (ECDC) hanno pubblicato il rapporto annuale contenente i risultati delle attività di monitoraggio e sorveglianza sulle zoonosi e le tossinfezioni alimentari, condotte da 27 Stati membri (SM) e 9 Stati non membri dell'Unione Europea (UE) nel 2021.

Nel 2021 le zoonosi maggiormente segnalate nell'uomo sono state la campylobatteriosi e la salmonellosi, rispettivamente al primo e al secondo posto, con un trend in aumento rispetto al 2020, ma in flessione se comparato agli anni precedenti. Nel 2021 la registrazione e l'analisi dei dati hanno risentito nuovamente dell'impatto avuto dalla pandemia da COVID-19 e dalle relative misure restrittive adottate dagli SM.

Sedici SM e il Regno Unito (Irlanda del Nord) hanno raggiunto tutti gli obiettivi prefissati per la riduzione della prevalenza delle sierovarianti rilevanti di *Salmonella* spp. nelle popolazioni avicole. Nei campioni per la ricerca di *Salmonella* spp., prelevati da carcasse di diverse specie animali, e in quelli per le analisi quantitative di *Campylobacter* spp., prelevati dalle carcasse di polli, le positività riscontrate sono state maggiori durante i controlli ufficiali rispetto alle analisi condotte in autocontrollo. La yersiniosi è stata la terza zoonosi maggiormente diagnosticata nell'uomo, seguita dalle infezioni sostenute da *Escherichia coli* produttori di Shiga tossine (STEC) e da *Listeria monocytogenes*. Le infezioni causate da *Listeria monocytogenes* e dal virus della West Nile sono state le zoonosi con le conseguenze cliniche più gravi, registrando i tassi più alti di ospedalizzazione e di letalità. Complessivamente, nel 2021 i focolai causati da tossinfezioni alimentari sono cresciuti rispetto al 2020 e *S. Enteritidis* resta, come l'anno precedente, il patogeno maggiormente isolato in tali focolai. *Salmonella* spp. all'interno di "uova e prodotti a base di uova" e in "alimenti misti" ha destato le maggiori preoccupazioni. I focolai riconducibili a "vegetali, succhi e prodotti derivati" sono stati considerevolmente più numerosi rispetto agli anni passati.

Dati sulle zoonosi umane nel 2021

Il numero di casi umani confermati di zoonosi riportato nel 2021 è schematizzato in Figura 1. Nel 2021 la campylobatteriosi rappresenta la zoonosi maggiormente riscontrata, come ogni anno dal 2005. Essa costituisce più del 62% dei casi umani confermati nel 2021 ed è seguita da salmonellosi, yersiniosi, infezioni da STEC e listeriosi. La gravità delle patologie è stata descritta analiticamente sulla base del numero di ricoveri e dell'esito dei casi riportati (Tabella 1). In funzione dei dati di severità, la listeriosi e la West Nile sono state le malattie con il più alto tasso di ospedalizzazione (rispettivamente 96,5% e 84,3%) e letalità (rispettivamente 13,7 % e 7,2%). Considerando, invece, il numero assoluto di morti, la listeriosi si conferma in testa alle statistiche con 196 decessi, seguita dalla salmonellosi (N=71; 0,18%), dalle infezioni da STEC (N=18; 0,41%) e dalla West Nile (N=11).

Per quel che concerne le tossinfezioni alimentari, *Salmonella* spp., *Norovirus* e *Campylobacter* spp. rappresentano i patogeni responsabili del maggior numero di focolai e casi.

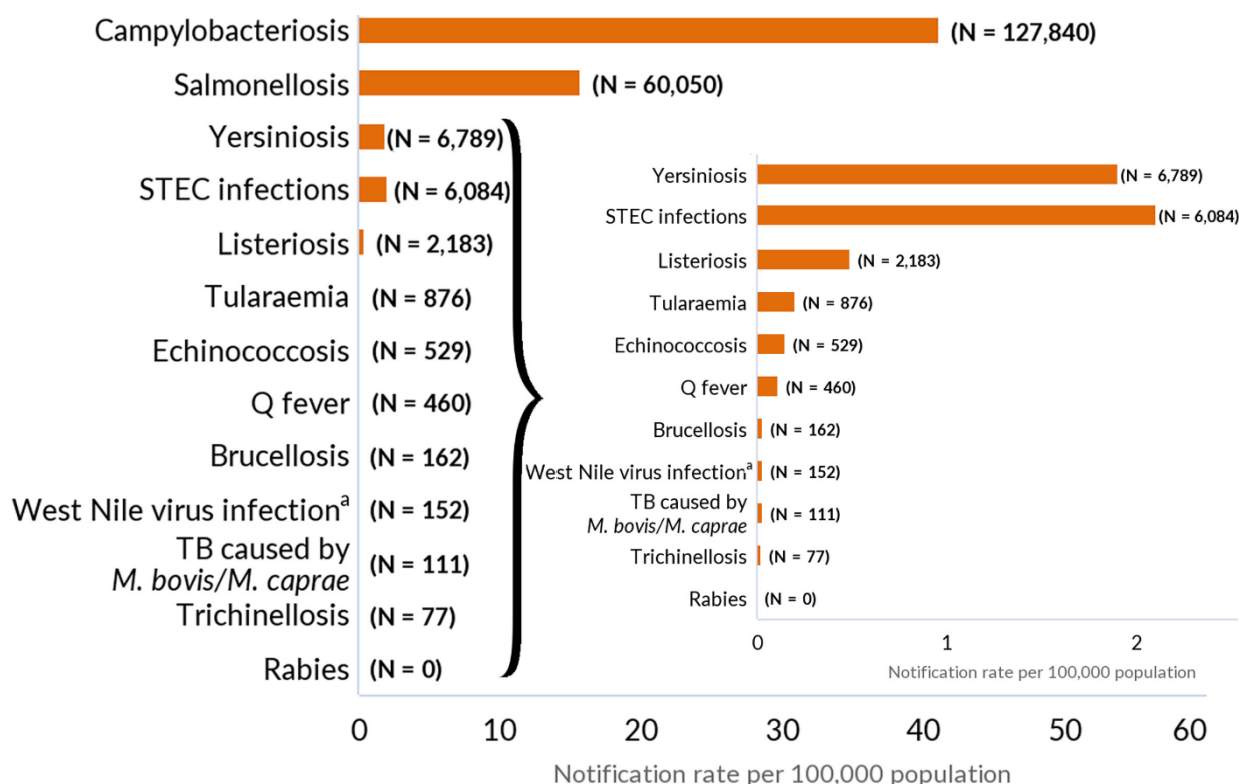


Figura 1: Numero riportato di casi confermati e tasso di notifica delle zoonosi umane nell'UE nel 2021 (fonte: The European Union One Health 2021 Zoonoses Report)

Disease	Surveillance data on human cases (source: ECDC)											Foodborne outbreaks (FBO) (source: EFSA)					
	Confirmed human cases	Hospitalisation				Deaths						Outbreaks	Cases	Hospitalisations and proportion of hospitalised cases		Deaths and case fatality	
		Status available	Reporting MSS ^(b)	Cases and proportion of hospitalised cases	Outcome available	Reporting MSS ^(b)	Deaths and case fatality										
	N	N	%	N	N	%	N	%	N	N	%	N	N	N	%	N	%
Campylobacteriosis	127,840	45,121	35.3	15	10,469	23.2	91,177	71.3	16	26	0.03	249	1,051	134	12.7	6	0.6
Salmonellosis	60,050	30,951	51.5	16	11,785	38.1	38,658	64.4	16	71	0.18	773	6,755	1,123	16.6	1	0.1
Yersiniosis	6,789	1,564	23.0	13	508	32.5	3,596	53.0	21	0	0	21	125	14	11.2	0	0
STEC infections	6,084	2,133	35.1	17	901	42.2	4,366	71.8	20	18	0.41	31	275	47	13.5	0	0
Listeriosis	2,183	956	43.8	16	923	96.5	1,427	65.4	14	196	13.7	23	104	48	46.2	12	11.5
Tularaemia	876	221	25.2	10	112	50.7	341	38.9	11	2	0.59	0	0	0	–	0	–
Echinococcosis	529	121	22.9	13	51	42.1	270	51.0	16	0	0	0	0	0	–	0	–
Q fever	460	NA	NA	NA	NA	NA	270	58.7	11	4	1.5	0	0	0	–	0	–
Brucellosis	162	60	37.0	10	36	60.0	59	36.4	11	0	0	1	2	2	100	0	–
West Nile virus infection ^(a)	152	83	54.6	6	70	84.3	152	100	8	11	7.2	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Trichinellosis	77	26	33.8	6	10	38.5	28	36.4	6	0	0	1	2	0	100	0	–
Rabies	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Data on congenital toxoplasmosis are not shown since 2021 data are not available yet.

MSS: Member States.

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

(a): Total number of locally acquired infections (probable and confirmed cases).

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

Tabella 1: Numero di ricoveri e decessi dovuti a zoonosi in casi umani confermati nell'UE nel 2021 (fonte: The European Union One Health 2021 Zoonoses Report)

Campylobacter in Europa nel 2021

Campylobacter spp. nell'uomo

La campylobatteriosi è l'infezione gastrointestinale a trasmissione alimentare più comunemente segnalata all'interno dell'UE a partire dal 2007. Nel 2021 sono stati registrati 127.840 casi di campylobatteriosi umana, corrispondenti ad un tasso di notifica all'UE di 41,1 casi ogni 100.000 abitanti, con un incremento del 2,1% rispetto al 2020 (40,2 casi ogni 100.000 abitanti). Comparando tale dato con quello pre-pandemia da COVID-19, il tasso di notifica all'UE del 2021 è diminuito del 36,1% e del 28,1%, considerando o meno i dati trasmessi dal Regno Unito. Il trend complessivo per la campylobatteriosi in UE nel periodo 2017-2021 non ha evidenziato una crescita o una flessione statisticamente significative.

Nella maggior parte dei casi ad origine nota (99,1%) l'infezione è stata contratta nel territorio UE. Nel 2021, in totale, sono stati segnalati all'EFSA 249 focolai causati da *Campylobacter* spp., che hanno condotto a 1.051 casi di malattia, 134 ricoveri e 6 decessi. 20 dei 249 focolai sono stati registrati come "a forte evidenza" e 229 come "a debole evidenza". Gli alimenti più comunemente associati ai focolai di campylobatteriosi "a forte evidenza" sono risultati la "carne di pollo e suoi derivati" (7 focolai), gli "alimenti misti" (5 focolai), la "carne di bovino e suoi derivati" (3 focolai) e "altra carne mista o non specificata di pollo e suoi derivati" (2 focolai), mentre non figura il "latte crudo", a differenza degli anni precedenti.

Campylobacter spp. negli alimenti

Nel 2021 24 SM hanno riportato dati nel contesto dei criteri di igiene di processo per *Campylobacter* spp., come previsto dal Regolamento (CE) 2073/2005. 15 SM hanno segnalato che, in regime di controllo ufficiale, su 8.063 campioni di pelli di collo prelevati di carcasse di polli da carne nei macelli dell'UE, il 42,1% dei campioni è risultato positivo a *Campylobacter* spp. e il 18,4% ha superato il limite di 1.000 UFC/g. 20 SM hanno riportato, su 53.351 test svolti in regime di autocontrollo, che il 27,2% dei campioni è risultato positivo a *Campylobacter* spp., mentre il 16,4% ha superato il limite di 1.000 UFC/g. In particolare, 11 SM hanno segnalato che, considerando entrambi i metodi di campionamento, il numero di campioni oltre il limite è stato significativamente più alto durante i controlli ufficiali (19,4%) rispetto agli autocontrolli (7,3%).

Nel 2021 3.220 risultati da unità campionarie di alimenti "pronti al consumo" (RTE) sono stati registrati da 12 SM, mentre 14.158 risultati da unità campionarie di alimenti "non pronti al consumo" sono stati registrati da 16 SM. Nel contesto degli alimenti RTE lo 0,31% delle unità campionarie sono risultate positive a *Campylobacter* spp., contro il 10,9% degli alimenti "non pronti al consumo". Il livello più alto di contaminazione nella categoria degli alimenti "non pronti al consumo" si è ottenuto nella "carne e prodotti a base di carne", con una percentuale di unità campionarie positive pari all'11,9%.

Complessivamente, *Campylobacter* spp. è stato isolato in tutte le categorie di "carne fresca", in particolare i livelli percentuali di positività più alti sono stati registrati nelle unità campionarie di "carne di pollo" (12,9%) e "carne di tacchino" (11,5%).

Campylobacter spp. negli animali

Nel 2021 *Campylobacter* spp. è stato identificato in più di 30 differenti categorie di animali da 16 SM e 3 Stati non-membri. L'ampia maggioranza di unità campionarie testate in UE (N=10.162) è pervenuta da polli da carne, con una percentuale di positività pari al 10,5%. Infine, le unità campionarie positive sono state il 41,3% per i suini, il 13,5% per i bovini e il 12,3% per cani e gatti.

Campylobacter in the EU, 2021

Human cases

Notification rate
(per 100,000 population) **41.1**

Trend
(2017-2021) — Increasing
— Decreasing
— Stable

127,840 Cases of illness

81,311 Infections acquired in the EU

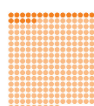
10,469 Hospitalisations

704 Infections acquired outside the EU

26 Deaths

45,825 Unknown travel status or unknown country of infection

Human cases in foodborne outbreaks



249 Foodborne outbreaks

20 Strong-evidence outbreaks

229 Weak-evidence outbreaks

1,051 Cases of illness

134 Hospitalisations

6 Deaths

Foodborne outbreaks

Food vehicles causing strong-evidence outbreaks



Broiler meat (*Gallus gallus*) and products thereof
7 Outbreaks



Mixed foods
5 Outbreaks



Bovine meat and products thereof
3 Outbreaks



Other, mixed or unspecified poultry meat and products thereof
2 Outbreaks

N of outbreaks

6	Austria
6	Belgium
0	Bulgaria
2	Croatia
0	Cyprus
2	Czechia
3	Denmark
2	Estonia
6	Finland
55	France
64	Germany
0	Greece
0	Hungary
0	Ireland
10	Italy
0	Latvia
1	Lithuania
0	Luxembourg
9	Malta
5	Netherlands
0	Poland
0	Portugal
0	Romania
55	Slovakia
0	Slovenia
15	Spain
3	Sweden
0	UK (N. Ireland)

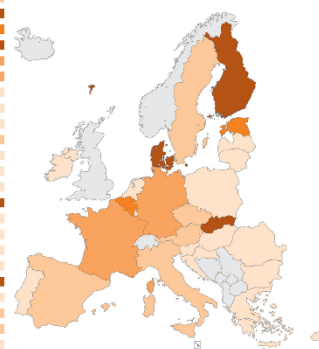
N of outbreaks per 100,000 population*

AT	0.067
BE	0.052
BG	0
HR	0.050
CY	0
CZ	0.019
DK	0.051
EE	0.150
FI	0.108
FR	0.081
DE	0.077
EL	0
HU	0
IE	0
IT	0.017
LV	0
LT	0.036
LU	0
MT	1.744
NL	0.029
PL	0.013
PT	0
RO	0
SK	1.007
SI	0
ES	0.032
SE	0.029
XI	0



N of outbreak cases per 100,000 population

AT	0.134
BE	0.477
BG	0
HR	0.099
CY	0
CZ	0.196
DK	1.062
EE	0.451
FI	1.084
FR	0.304
DE	0.257
EL	0
HU	0
IE	0
IT	0.138
LV	0
LT	0.072
LU	0
MT	3.681
NL	0.063
PL	0.095
PT	0
RO	0
SK	3.150
SI	0
ES	0.194
SE	0.183
XI	0



* Differences among countries shall be interpreted with caution as this indicator depends on several factors including the type of outbreaks under surveillance and does not necessarily reflect the level of food safety in each country.

ECDC data EFSA data

Figura 1: *Campylobacter* spp. nell'UE nel 2021 (fonte: The European Union One Health 2021 Zoonoses Report)

Salmonella in Europa nel 2021

Salmonella spp. nell'uomo

La Salmonellosi è stata la seconda infezione gastroenterica di origine alimentare maggiormente segnalata nell'uomo dopo la campylobatteriosi ed è stata la principale responsabile di epidemie di origine alimentare negli SM dell'UE e in Stati non-membri.

Nel 2021 sono stati confermati 60.050 casi di salmonellosi umana, con un tasso di notifica all'UE di 15,7 casi ogni 100.000 abitanti, in incremento del 14,3% rispetto al 2020, anno che aveva registrato il più basso numero di casi da quando è iniziata la sorveglianza sulla salmonellosi (2007). Su tale record negativo ha influito sicuramente la pandemia da COVID-19 e l'uscita del Regno Unito dall'UE. Rispetto al numero di segnalazioni in periodo pre-pandemico (2017-2019), il tasso di notifica all'UE ha registrato una flessione del 19,6% e del 23,1% nel 2021, considerando o meno i dati del Regno Unito. Ciononostante, la tendenza generale per la salmonellosi nel periodo 2017-2021 non ha evidenziato incrementi o flessioni statisticamente significativi.

Nel 2021 la percentuale di casi di ospedalizzazione è stata del 38,1%, in aumento rispetto al 2020, con un tasso di letalità pari allo 0,18%, simile a quello dell'anno precedente.

I sierotipi di *Salmonella* spp. maggiormente isolati nel totale delle infezioni umane sono risultati i seguenti: *S. Enteritidis* (54,6%), *S. Typhimurium* (11,4%), *S. Typhimurium* monofasica (1,4,[5],12:i:-) (8,8%), *S. Infantis* (2,0%) e *S. Derby* (0,93%).

Nel 2021, complessivamente, sono stati segnalati da 24 SM e da 1 Stato non-membro (Irlanda del Nord) 773 focolai di salmonellosi umana di origine alimentare, che hanno condotto a 6.755 casi di malattia, 1.123 ricoveri e un decesso. La maggior parte dei focolai di *Salmonella* spp. segnalati è stata causata da *S. Enteritidis* (57,9%).

I veicoli alimentari più comunemente associati ai focolai di salmonellosi di origine alimentare sono stati: "uova e i prodotti da uova" (39 focolai), "alimenti misti" (24 focolai), "prodotti da forno" (15 focolai), "carne suina e suoi derivati" (14 focolai) e "verdure, succhi e prodotti derivati" (11 focolai).

Salmonella spp. negli alimenti

Nel 2021 sono state prelevate complessivamente 73.238 unità campionarie da alimenti RTE, con una percentuale di positività a *Salmonella* spp. molto bassa (0,23%). Nella categoria RTE i tassi maggiori di positività sono stati riscontrati nei campioni di "carne e prodotti a base di carne di suino" (0,82%) e di "spezie ed erbe" (0,72%). Per quel che concerne la categoria degli alimenti "non pronti al consumo" sono state prelevate 466.290 unità campionarie, con una percentuale di positività a *Salmonella* spp. del 2,1%; in particolare, i tassi di positività più alti sono stati registrati nei campioni di "carne e prodotti a base di carne" (2,2%), soprattutto in quelli provenienti da polli da carne (4,4%) e tacchini (3,6%).

Il campionamento per la verifica della conformità ai criteri di igiene del processo, secondo il regolamento (CE) n. 2073/2005, ha rilevato percentuali significativamente inferiori di carcasse di suini, polli da carne, tacchini e bovini positive a *Salmonella* spp. nei campioni prelevati dagli OSA in autocontrollo, rispetto ai campioni del controllo ufficiale prelevati dalle Autorità Competenti.

Salmonella spp. negli animali

Nel 2021, all'interno del contesto dei programmi di controllo di *Salmonella* spp., 16 SM e il Regno Unito (Irlanda del Nord) hanno raggiunto gli obiettivi di riduzione per tutte le specie avicole. Tali obiettivi di riduzione non sono stati centrati, invece, da 7 SM per le galline ovaiole, da 5 SM per i riproduttori della specie *Gallus gallus*, da 3 SM per i polli da carne, da uno SM per i tacchini riproduttori e da uno SM per i tacchini da ingrasso.

In riferimento ai piani di controllo della *Salmonella* spp. nelle specie avicole, la prevalenza di sierotipi rilevanti di *Salmonella* negli allevamenti di polli da carne, di tacchini riproduttori e da ingrasso segnalata dagli OSA è risultata significativamente inferiore rispetto a quella segnalata dalle Autorità Competenti nell'UE.

Nel 2021 è stato osservato un significativo incremento della prevalenza stimata di *Salmonella* spp. nei gruppi di tacchini riproduttori rispetto al 2016, anno in cui la prevalenza stimata ha registrato il valore più basso nell'intero periodo di studio (2010-2021). Gli andamenti per i sierotipi rilevanti di *Salmonella* nei vari gruppi sono rimasti, al contrario, piuttosto stabili negli ultimi anni per tutte le popolazioni avicole.

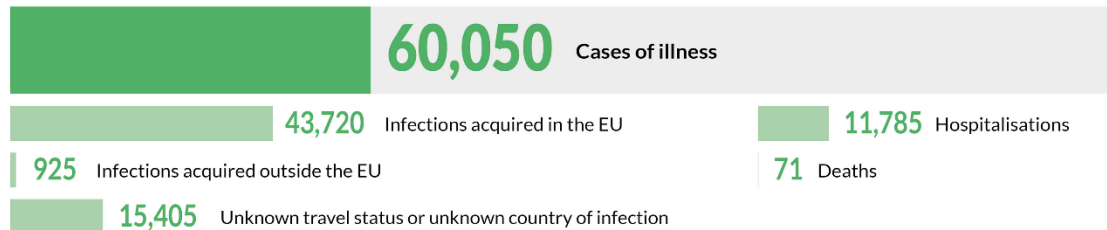
Considerando i 20 sierotipi di *Salmonella* spp. maggiormente isolati negli alimenti di origine animale nel contesto dell'UE, considerando quelle maggiormente riscontrate nell'uomo, *S. Enteritidis* è stato il sierotipo maggiormente segnalato nelle galline ovaiole e il secondo sierotipo più comune nei polli da carne. Nella specie suina e bovina, invece, *S. Typhimurium* e la sua variante monofasica sono risultati i sierotipi più comuni. Altri sierotipi sovente segnalati sono stati *S. Infantis* nei polli da carne (la metà dei sierotipi isolati in riferimento ai piani di controllo della *Salmonella* spp. nelle specie avicole; la prevalenza di sierotipi rilevanti di *Salmonella* spp. negli allevamenti di polli da carne e di tacchini da ingrasso segnalata dagli OSA è risultata significativamente inferiore a quella segnalata dalle Autorità Competenti nell'UE i per questa categoria produttiva) e *S. Derby* nei suini.

Salmonella in the EU, 2021

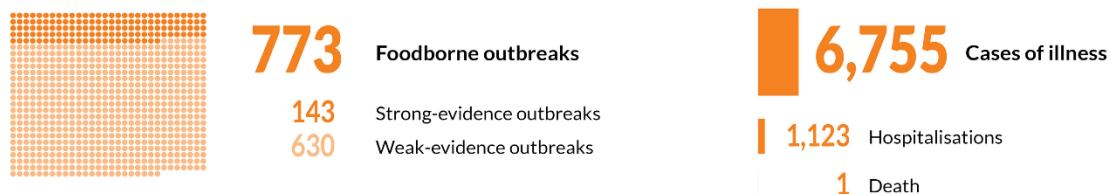
Human cases

Notification rate
(per 100,000 population) **15.7**

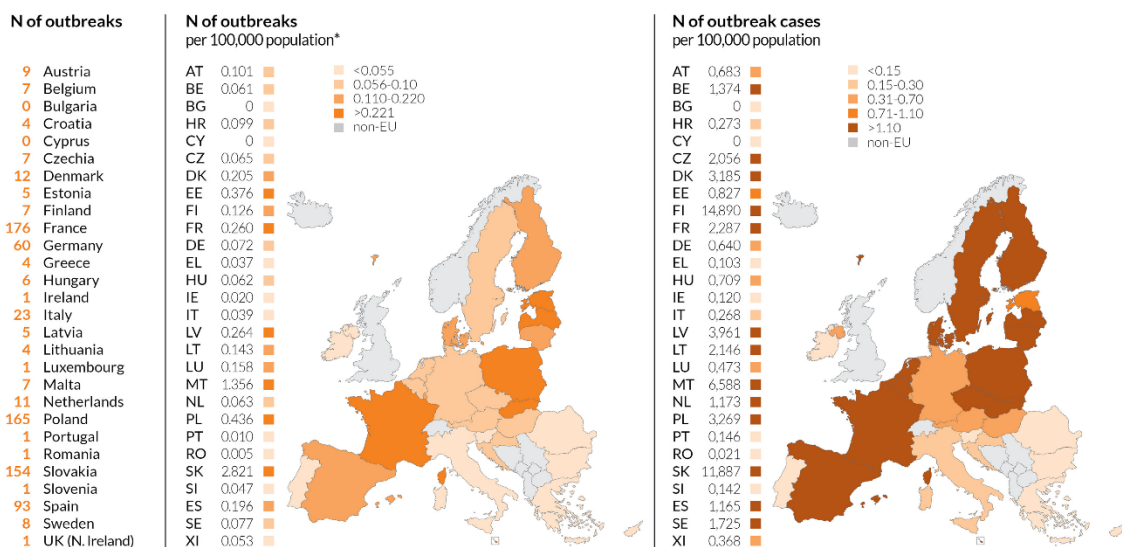
Trend
(2017-2021)  Increasing
 Decreasing
 Stable



Human cases in foodborne outbreaks



Foodborne outbreaks



* Differences among countries shall be interpreted with caution as this indicator depends on several factors including the type of outbreaks under surveillance and does not necessarily reflect the level of food safety in each country.

 ECDC data  EFSA data

Figura 2: Salmonella spp. nell'UE nel 2021 (fonte: The European Union One Health 2021 Zoonoses Report)

Listeria monocytogenes in Europa nel 2021

Listeria monocytogenes nell'uomo

Nel 2021 27 SM hanno confermato all'ECDC 2.183 casi invasivi umani di infezione da *L. monocytogenes*. Questi casi hanno condotto a 923 ricoveri e a 196 decessi nell'UE. La listeriosi è stata la quinta zoonosi più comune nell'uomo in UE e rappresenta una delle più gravi malattie infettive di origine alimentare sotto la sorveglianza dell'Unione.

Il tasso di notifica all'UE è stato di 0,49 casi ogni 100.000 abitanti, in aumento del 14,0% rispetto al 2020 (0,43 casi ogni 100.000 abitanti). Il 2020 è stato l'anno che ha registrato il più basso tasso di infezioni umane da *L. monocytogenes* da quando è stato avviato il piano di sorveglianza (2007): questo è ascrivibile all'impatto avuto dalla pandemia da COVID-19 e dall'uscita del Regno Unito dall'UE. Rispetto, invece, al periodo pre-pandemico (2017-2019) il tasso di notifica all'UE è cresciuto del 4,3% ed è diminuito del 2,0%, considerando o meno i dati provenienti dal Regno Unito. Complessivamente, l'andamento della malattia in UE durante il periodo 2017-2021 non ha evidenziato incrementi o flessioni statisticamente significativi.

Il tasso di letalità in UE è stato elevato (13,7%), simile a quello registrato nel 2020 (13,0%) e leggermente inferiore rispetto al 2019 (17,6%).

Le infezioni da *L. monocytogenes* sono state più comunemente riscontrate nella fascia di popolazione con età superiore a 64 anni, in particolare negli "over 84".

Nel 2021 in UE sono stati registrati 23 focolai di listeriosi di origine alimentare (8 "a forte evidenza" e 15 "a debole evidenza"), i quali hanno coinvolto 9 SM e 1 Stato non-membro (Irlanda del Nord) e hanno causato 104 casi di malattia, 48 ricoveri e 12 decessi. I veicoli alimentari di infezione maggiormente implicati sono stati: "pesce e prodotti della pesca" (4 focolai), "carne e prodotti a base di carne non specificata" (2 focolai), "altre carni rosse o miste e prodotti derivati" (1 focolaio), "carne di pollo e suoi derivati" (1 focolaio).

Listeria monocytogenes negli alimenti

Nel 2021, nei siti di trasformazione e distribuzione, 24 SM hanno testato 301.195 campioni di diverse categorie di alimenti "pronti al consumo" (RTE) per *L. monocytogenes*. A causa dell'impatto avuto dalla pandemia da COVID-19 sulle attività di sorveglianza sugli alimenti, i risultati del 2021 non sono stati comparati con quelli del 2020. Rispetto al 2019, il numero di SM che hanno comunicato i dati è rimasto stabile (25 SM nel 2019), mentre il numero di campioni testati è aumentato dell'11,9% (222.659 campioni testati del 2019). Nel 2020 il numero di campioni testati, da 24 SM, si era limitato a 184.570 unità.

La presenza di *L. monocytogenes* fornisce un'indicazione del tasso di contaminazione ragionevolmente prevedibile in diverse categorie di alimenti. Tali risultati variano in base alla categoria di alimenti RTE, alla fase di campionamento, al numero di campioni testati e al numero di SM che hanno segnalato i dati.

La proporzione di singoli campioni positivi per *L. monocytogenes* prelevati in fase di vendita al dettaglio dalle Autorità Competenti è risultata molto bassa (<1,0%) in tutte le categorie di alimenti contemplate dal regolamento (CE) n. 2073/2005, con nessuna positività per 9 su 11 categorie di alimenti RTE, il 3,1% di positività per i “prodotti a base di carne e insaccati fermentati” RTE e l'1,5% per il “pesce” RTE. La percentuale di singoli campioni positivi a *L. monocytogenes*, prelevati in fase di lavorazione dalle Autorità Competenti, è risultata sistematicamente superiore rispetto alla fase di vendita al dettaglio, per tutte le categorie di alimenti RTE. Durante la fase di trasformazione le percentuali di positività più alte sono state rilevate nei “prodotti della pesca” (3,1%), nei “prodotti a base di carne diversi dagli insaccati fermentati” (2,5%) e nel “pesce” (1,8%).

Listeria monocytogenes negli animali

Nella fase di produzione primaria, la percentuale di unità positive è risultata molto bassa nei bovini (1,1%), la specie animale principalmente campionata nell'UE. Il basso numero di dati riportati dagli SM riflette l'assenza di normative UE armonizzate sulla produzione primaria.

Listeria in the EU, 2021

Human cases

Notification rate
(per 100,000 population) **0.49**

Trend (2017-2021) **—** Increasing
Decreasing
Stable

2,183 Cases of illness

1,482 Infections acquired in the EU

4 Infections acquired outside the EU

697 Unknown travel status or unknown country of infection

923 Hospitalisations

196 Deaths

Human cases in foodborne outbreaks

23 Foodborne outbreaks

8 Strong-evidence outbreaks

15 Weak-evidence outbreaks

104 Cases of illness

48 Hospitalisations

12 Deaths

Foodborne outbreaks

Food vehicles causing
strong-evidence
outbreaks

Fish and fish products
4 Outbreaks

Meat and meat
products, unspecified
2 Outbreaks

Other or mixed red meat
and products thereof
1 Outbreak

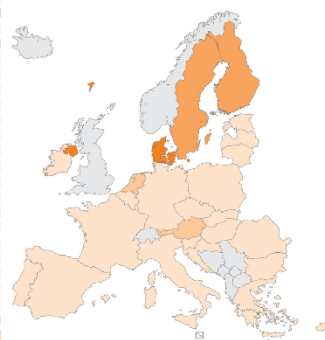
Broiler meat (*Gallus gallus*)
and products thereof
1 Outbreak

N of outbreaks

1 Austria
0 Belgium
0 Bulgaria
0 Croatia
0 Cyprus
0 Czechia
5 Denmark
0 Estonia
2 Finland
3 France
4 Germany
0 Greece
0 Hungary
0 Ireland
1 Italy
0 Latvia
0 Lithuania
0 Luxembourg
0 Malta
2 Netherlands
0 Poland
0 Portugal
0 Romania
0 Slovakia
0 Slovenia
0 Spain
4 Sweden
1 UK (N. Ireland)

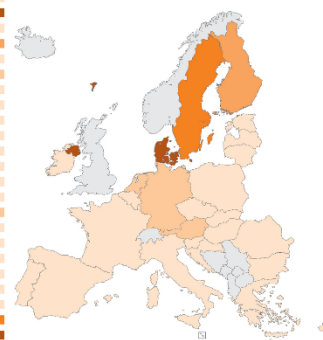
N of outbreaks
per 100,000 population*

AT 0.011
BE 0
BG 0
HR 0
CY 0
CZ 0
DK 0.086
EE 0
FI 0.036
FR 0.004
DE 0.005
EL 0
HU 0
IE 0
IT 0.002
LV 0
LT 0
LU 0
MT 0
NL 0.011
PL 0
PT 0
RO 0
SK 0
SI 0
SE 0.039
XI 0.053



N of outbreak cases
per 100,000 population

AT 0.056
BE 0
BG 0
HR 0
CY 0
CZ 0
DK 0.651
EE 0
FI 0.108
FR 0.009
DE 0.018
EL 0
HU 0
IE 0
IT 0.003
LV 0
LT 0
LU 0
MT 0
NL 0.052
PL 0
PT 0
RO 0
SK 0
SI 0
SE 0.125
XI 0.525



* Differences among countries shall be interpreted with caution as this indicator depends on several factors including the type of outbreaks under surveillance and does not necessarily reflect the level of food safety in each country.

ECDC data EFSa data

Figura 3: *Listeria monocytogenes* nell'UE nel 2021 (fonte: The European Union One Health 2021 Zoonoses Report)

***Escherichia coli* STEC in Europa nel 2021**

***Escherichia coli* STEC nell'uomo**

Nel 2021 sono stati confermati 6.084 casi di infezione da STEC nell'uomo, rendendola la quarta infezione gastroenterica di origine alimentare più frequente nell'uomo all'interno dell'UE.

Il tasso di notifica all'UE nel 2021 è stato di 2,1 casi ogni 100.000 abitanti, in aumento del 36,9% rispetto al dato del 2020 (1,5 casi ogni 100.000 abitanti), quest'ultimo, di fatto, è stato il dato più basso registrato da quando è iniziata la sorveglianza (2007), a causa dell'impatto avuto dalle misure restrittive, messe in atto per far fronte alla pandemia da COVID-19, e dall'uscita del Regno Unito dall'UE. Confrontandolo, inoltre, con i dati pre-pandemici (2017-2019), nel 2021 il tasso di notifica all'UE è cresciuto del 9,9% e del 14,2%, considerando o meno i dati forniti dal Regno Unito.

Nel 2021 *E. coli* STEC è stato responsabile di 31 focolai di origine alimentare, che hanno condotto a 275 casi di malattia, 47 ricoveri e nessun decesso. Le fonti dei 5 focolai "a forte evidenza" sono state, in particolare, la "carne bovina e suoi derivati" (2 focolai), il "latte", la "verdura e succhi e altri prodotti derivati" e la "carne e prodotti a base di carne non specificati" (1 focolaio per categoria).

***Escherichia coli* STEC negli alimenti**

Nel 2021 22 SM hanno confermato la presenza di STEC nel 3,6% dei 17.516 campioni di alimenti prelevati seguendo la strategia del "campionamento oggettivo", rispetto al 2,4% del 2020 e al 2,8% del 2019.

I "semi germogliati" sono stati testati da 10 SM nel contesto del regolamento (CE) n. 2073/2005, con una positività a STEC in 617 campioni ufficiali.

Complessivamente, STEC è stato più comunemente isolato nella "carne fresca di diverse specie animali" (7% di positività), seguita dai "prodotti da forno" (6,3%) e dal "latte e prodotti a base di latte non pronti al consumo" (2%), mentre "frutta e verdura" è risultata la categoria di alimenti meno contaminata (0,5%).

Nel 2021 16 SM hanno testato 7.444 campioni di alimenti RTE, confermando 112 positività a STEC (1,5%), di cui 39 campioni (1,7%) di "latte e prodotti a base di latte", 20 campioni (1,6%) di "carne e prodotti a base di carne", 10 campioni (0,5%) di "frutta, verdura e succhi" e 1 campione (0,3%) di "erbe e spezie". Dal 27,4% degli STEC isolati da matrici alimentari sono state fornite informazioni sul sierogruppo di appartenenza; molti dei sierogruppi identificati rientrano nella lista dei 20 sierogruppi STEC più frequentemente isolati dall'ECDC in infezioni umane nel 2021.

La maggior parte dei virulotipi degli isolati di STEC da alimenti e animali sono stati identificati anche in gravi infezioni da STEC nell'uomo. Solo per il 32,5% (N=284) degli STEC isolati dagli alimenti nel 2021 sono state registrate informazioni sulla tipizzazione dei geni di virulenza (stx1 o stx2 e eae) e solo per il 9% (N=79) è stato identificato il subgenotipo di stx.

Escherichia coli STEC negli animali

I test sui campioni animali sono aumentati rispetto agli anni precedenti, benché non siano tutt'ora ampiamente diffusi in UE. Infatti, nel 2021 7 SM hanno registrato 3.746 campioni animali, con una positività del 6,1%. La maggior parte delle unità campionarie (88,5%) è stata prelevata da un'unica specie animale, il bovino.

Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) in the EU, 2021

Human cases

Notification rate
(per 100,000 population) **2.1**

Trend (2017-2021)  Increasing
 Decreasing
 Stable

6,084 Cases of illness

4,355 Infections acquired in the EU

117 Infections acquired outside the EU

1,612 Unknown travel status or unknown country of infection

901 Hospitalisations

18 Deaths

Human cases in foodborne outbreaks

31 Foodborne outbreaks

5 Strong-evidence outbreaks

26 Weak-evidence outbreaks

275 Cases of illness

47 Hospitalisations

0 Deaths

Foodborne outbreaks

Food vehicles causing strong-evidence outbreaks



Bovine meat and products thereof
2 Outbreaks



Milk
1 Outbreak



Vegetables and juices and other products thereof
1 Outbreak



Meat and meat products, unspecified
1 Outbreak

N of outbreaks

4 Austria
5 Belgium
0 Bulgaria
0 Croatia
0 Cyprus
0 Czechia
6 Denmark
0 Estonia
2 Finland
0 France
2 Germany
0 Greece
0 Hungary
4 Ireland
0 Italy
0 Latvia
0 Lithuania
0 Luxembourg
2 Malta
1 Netherlands
0 Poland
0 Portugal
0 Romania
0 Slovakia
0 Slovenia
2 Spain
3 Sweden
0 UK (N. Ireland)

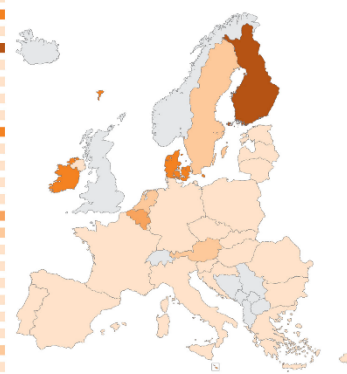
N of outbreaks per 100,000 population*

AT 0.045
BE 0.043
BG 0
HR 0
CY 0
CZ 0
DK 0.103
EE 0
FI 0.036
FR 0
DE 0.002
EL 0
HU 0
IE 0.080
IT 0
LV 0
LT 0
LU 0
MT 0.388
NL 0.006
PL 0
PT 0
RO 0
SK 0
SI 0
ES 0.004
SE 0.029
XI 0



N of outbreak cases per 100,000 population

AT 0.157
BE 0.477
BG 0
HR 0
CY 0
CZ 0
DK 0.873
EE 0
FI 1.446
FR 0
DE 0.007
EL 0
HU 0
IE 0.819
IT 0
LV 0
LT 0
LU 0
MT 0.775
NL 0.069
PL 0
PT 0
RO 0
SK 0
SI 0
ES 0.008
SE 0.289
XI 0



* Differences among countries shall be interpreted with caution as this indicator depends on several factors including the type of outbreaks under surveillance and does not necessarily reflect the level of food safety in each country.

 ECDC data  EFSA data

Figura 4: E. coli STEC nell'UE nel 2021 (fonte: The European Union One Health 2021 Zoonoses Report)

***Yersinia* in Europa nel 2021**

Yersinia nell'uomo

La yersiniosi è la terza zoonosi più frequentemente segnalata nell'uomo in UE. Nel 2021 sono stati confermati 6.789 casi di yersiniosi umana, con un tasso di notifica all'UE di 1,9 casi ogni 100.000 abitanti, in aumento dell'11,8% rispetto al tasso registrato nel 2020 (1,7 casi ogni 100.000 abitanti). Il 2020, di fatto, ha rappresentato l'anno con il minor numero di casi umani registrati da quando è stata avviata la sorveglianza specifica in UE (2007): ciò è ascrivibile all'impatto avuto dalla pandemia da COVID-19 e dall'uscita del Regno Unito dall'UE. Rispetto al periodo pre-pandemico (2017-2019), il tasso di notifica all'UE nel 2021 ha registrato un incremento dell'11,3% e una flessione dell'8,9%, considerando o meno i dati forniti dal Regno Unito. L'andamento complessivo nel periodo 2017-2021 non ha, tuttavia, evidenziato aumenti o diminuzioni statisticamente significativi.

Nel 2021 13 SM hanno segnalato 21 focolai di yersiniosi di origine alimentare, che hanno condotto a 125 casi di malattia, 14 ricoveri e nessun decesso. Sono stati 4 i focolai a "forte evidenza" registrati: due causati dal consumo di "verdura, succhi e altri prodotti derivati", uno da "frutta, frutti di bosco, succhi e altri prodotti derivati" e uno da "carne suina e suoi derivati".

Yersinia negli alimenti

Nel 2021 6 SM hanno registrato informazioni su 355 campioni testati per *Yersinia* da alimenti "pronti al consumo" (RTE): 3 unità campionarie sono risultate positive (2,1%), tutte appartenenti alla categoria RTE "carne e prodotti a base di carne suina".

Per quanto concerne gli alimenti "non pronti al consumo", 6 SM hanno fornito i risultati su 736 unità campionarie: 38 unità campionarie sono risultate positive (5,4%), tutte appartenenti alla categoria "carne prodotti a base di carne". Per la categoria "carne fresca" 5 SM hanno riportato informazioni su 418 unità campionarie, registrando 29 positività (6,9%); in particolare *Yersinia* è stata isolata in 26 dei 366 campioni testati di "carne fresca di suino" (7,1%).

Yersinia negli animali

Negli animali, 7 SM e uno Stato non-membro hanno registrato i risultati delle attività di campionamento svolte nel 2021: la più alta percentuale di positività a *Yersinia*, sul totale delle unità campionarie prelevate da animali da reddito, è stata osservata nei "piccoli ruminanti" (2,7%, N=96).

Yersinia in the EU, 2021

Human cases

Notification rate
(per 100,000 population) **1.9**

Trend
(2017-2021) **—** Increasing
Decreasing
Stable

6,789 Cases of illness

3,478 Infections acquired in the EU

18 Infections acquired outside the EU

3,293 Unknown travel status or unknown country of infection

508 Hospitalisations

0 Deaths

Human cases in foodborne outbreaks

21 Foodborne outbreaks
4 Strong-evidence outbreaks
17 Weak-evidence outbreaks

125 Cases of illness
14 Hospitalisations
0 Deaths

Foodborne outbreaks

Food vehicles causing
strong-evidence
outbreaks

Vegetables and juices
and other products thereof
2 Outbreaks

Fruit, berries and juices
and other products thereof
1 Outbreak

Pig meat and
products thereof
1 Outbreak

N of outbreaks

0 Austria
1 Belgium
0 Bulgaria
0 Croatia
0 Cyprus
0 Czechia
2 Denmark
1 Estonia
2 Finland
6 France
2 Germany
0 Greece
0 Hungary
0 Ireland
0 Italy
0 Latvia
1 Lithuania
0 Luxembourg
0 Malta
1 Netherlands
0 Poland
0 Portugal
0 Romania
3 Slovakia
0 Slovenia
1 Spain
1 Sweden
0 UK (N. Ireland)

N of outbreaks
per 100,000 population*

AT 0
BE 0.009
BG 0
HR 0
CY 0
CZ 0
DK 0.034
EE 0.075
FI 0.036
FR 0.009
DE 0.002
EL 0
HU 0
IE 0
IT 0
LV 0
LT 0.036
LU 0
MT 0
NL 0.006
PL 0
PT 0
RO 0
SK 0.055
SI 0
ES 0.002
SE 0.010
XI 0.0

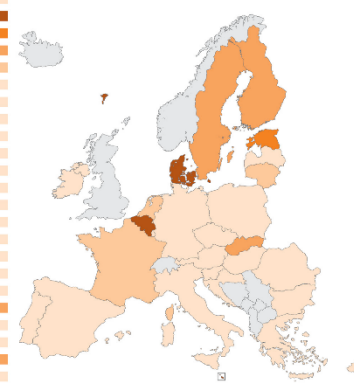
<0.007
0.007-0.020
0.021-0.040
>0.041
non-EU



N of outbreak cases
per 100,000 population

AT 0
BE 0.376
BG 0
HR 0
CY 0
CZ 0
DK 0.394
EE 0.226
FI 0.163
FR 0.034
DE 0.005
EL 0
HU 0
IE 0
IT 0
LV 0
LT 0.072
LU 0
MT 0
NL 0.034
PL 0
PT 0
RO 0
SK 0.128
SI 0
ES 0.013
SE 0.154
XI 0

<0.03
0.03-0.10
0.11-0.20
0.21-0.30
>0.30
non-EU



* Differences among countries shall be interpreted with caution as this indicator depends on several factors including the type of outbreaks under surveillance and does not necessarily reflect the level of food safety in each country.

ECDC data EFSA data

Figura 5: Yersinia nell'UE nel 2021 (fonte: The European Union One Health 2021 Zoonoses Report)

Per ulteriori approfondimenti si rimanda alla versione scaricabile del report al link <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2022.7666>.

PRODUZIONE SCIENTIFICA ANNO 2022

1: Russini V, Corradini C, Rasile E, Terracciano G, Senese M, Bellagamba F, Amoruso R, Bottoni F, De Santis P, Bilei S, De Marchis ML, Bossù T. A Familiar Outbreak of Monophasic Salmonella serovar Typhimurium (ST34) Involving Three Dogs and Their Owner's Children. *Pathogens*. 2022 Dec 8;11(12):1500. doi: 10.3390/pathogens11121500. PMID: 36558834; PMCID: PMC9788015.

2: Russini V, Spaziante M, Varcasia BM, Diaconu EL, Paolillo P, Picone S, Brunetti G, Mattia D, De Carolis A, Vairo F, Bossù T, Bilei S, De Marchis ML. A Whole Genome Sequencing-Based Epidemiological Investigation of a Pregnancy- Related Invasive Listeriosis Case in Central Italy. *Pathogens*. 2022 Jun 8;11(6):667. doi: 10.3390/pathogens11060667. PMID: 35745521; PMCID: PMC9228178.

3: Fortini D, Owczarek S, Dionisi AM, Lucarelli C, Arena S, Carattoli A; Enter-Net Italia Colistin Resistance Study Group; Villa L, García-Fernández A. Colistin Resistance Mechanisms in Human Salmonella enterica Strains Isolated by the National Surveillance Enter-Net Italia (2016-2018). *Antibiotics (Basel)*. 2022 Jan 13;11(1):102. doi: 10.3390/antibiotics11010102. PMID: 35052978; PMCID: PMC8772777.

4: Russini V, Corradini C, De Marchis ML, Bogdanova T, Lovari S, De Santis P, Migliore G, Bilei S, Bossù T. Foodborne Toxigenic Agents Investigated in Central Italy: An Overview of a Three-Year Experience (2018-2020). *Toxins (Basel)*. 2022 Jan 5;14(1):40. doi: 10.3390/toxins14010040. PMID: 35051016; PMCID: PMC8777671.