



Istituto Zooprofilattico Sperimentale
del Lazio e della Toscana M. Aleandri

Rapporto bi-regionale di sorveglianza

2023

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)



© Foto di Valeria Russini



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

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 monocytogenes</i> (CRRLm).	4
Deliberazioni e riconoscimenti	4
Attività di laboratorio	5
Attività di sorveglianza	6
SALMONELLA 2023	9
<i>Salmonella</i> spp. di origine umana	9
<i>Salmonella</i> spp. di origine veterinaria	13
<i>Salmonella</i> spp. negli animali	16
<i>Salmonella</i> spp. negli alimenti, nei mangimi e nell'ambiente	17
Caratterizzazione dei ceppi di <i>Salmonella</i> spp. isolati da campioni del piano AMR	18
LISTERIA MONOCYTOGENES 2023	20
<i>Listeria monocytogenes</i> di origine umana	20
<i>Listeria monocytogenes</i> di origine veterinaria	22
YERSINIA ENTEROCOLITICA 2023	23
<i>Yersinia enterocolitica</i> di origine umana	23
<i>Yersinia enterocolitica</i> di origine alimentare	24
CAMPYLOBACTER 2023	25
<i>Campylobacter</i> spp. di origine umana	25
<i>Campylobacter</i> spp. di origine alimentare	26
ESCHERICHIA COLI STEC 2023	27
<i>Escherichia coli</i> STEC di origine umana	27
<i>Escherichia coli</i> STEC di origine alimentare	27
SHIGELLA 2023	29

VIBRIO 2023	30
APPENDICE - Dati dall'Europa: il Rapporto EFSA/ECDC sulle zoonosi in Europa 2022 .	31
Dati sulle zoonosi umane nel 2022	31
PRODUZIONE SCIENTIFICA ANNO 2023.....	44

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): *L. 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 sieroaagglutinazione rapida di isolati clinici e veterinari (alimentari, ambientali e animali) di *Salmonella* spp., *Y. enterocolitica*, *Shigella* spp., *L. monocytogenes* e *Vibrio cholerae*, di tipizzazione molecolare di *Salmonella* spp., di *L. monocytogenes* e di caratterizzazione dei geni di patogenicità di *E. coli*, inclusi gli *E. coli* produttori di shiga-tossine (STEC) 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). Alla medesima Direzione Operativa afferisce anche il laboratorio di “Biotecnologia Applicata agli Alimenti” presso il quale, a partire dal 2019 è stata 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 *L. 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-GenPAT) 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. Presso il CRRLm si eseguono inoltre prove di sierotipizzazione su ceppi di *V. cholerae*, di tipizzazione molecolare di isolati clinici e veterinari di *Y. enterocolitica*, di *Campylobacter* spp. e di caratterizzazione dei geni di patogenicità di *E. coli*, inclusi i *E. coli* produttori di shiga-tossine (STEC) o portatori di altri fattori di patogenicità quali ETEC, EPEC, DAEC, EIEC ed *E. coli* entero-aggregativi (EAEC), e di *Vibrio* patogeni (*V. cholerae*, *V. parahemolyticus* e *V. vulnificus*), infine dell'identificazione di specie batteriche con metodiche in PCR e di sequenziamento diretto (Sanger). 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., *Y. 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 *L. monocytogenes*, il CREP e il LRPTAU rappresentano il punto di contatto per l'IZSLT con:

- il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria monocytogenes* 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 *L. 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.
- il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *L. monocytogenes* di Teramo (IZSAM), a cui sono inviati tramite il CREP gli isolati di origine alimentare provenienti dal territorio della Regione Toscana 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);

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

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

Con le attività di sequenziamento in NGS degli isolati umani e alimentari di *L. monocytogenes* e di *E. coli* STEC, effettuato dai laboratori specialistici della sede Centrale (CREP e LRPTAU), il CRRLm fornisce le informazioni sui cluster molecolari associati a sospetti focolai epidemici di *L. monocytogenes* e di *E. coli* STEC isolati nel territorio di competenza della Regione Toscana e alimenta il database IRIDA e la piattaforma di analisi bioinformatica dei dati di sequenza Aries, gestiti dall'ISS.

Inoltre il CRRLm 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) e partecipa ad attività di coordinamento delle azioni e dei ruoli delle strutture sanitarie regionali operanti nel campo della Sicurezza Alimentare.

SALMONELLA 2023

Salmonella spp. di origine umana

Complessivamente gli isolati di *Salmonella* spp. notificati al sistema Enter-Net per l'anno 2023 sono stati 568 (500 per il Lazio, con un incremento del 17.6%, e 64 per la Toscana con un decremento del 31.9%, e 4 da altre regioni) (Grafico 1).

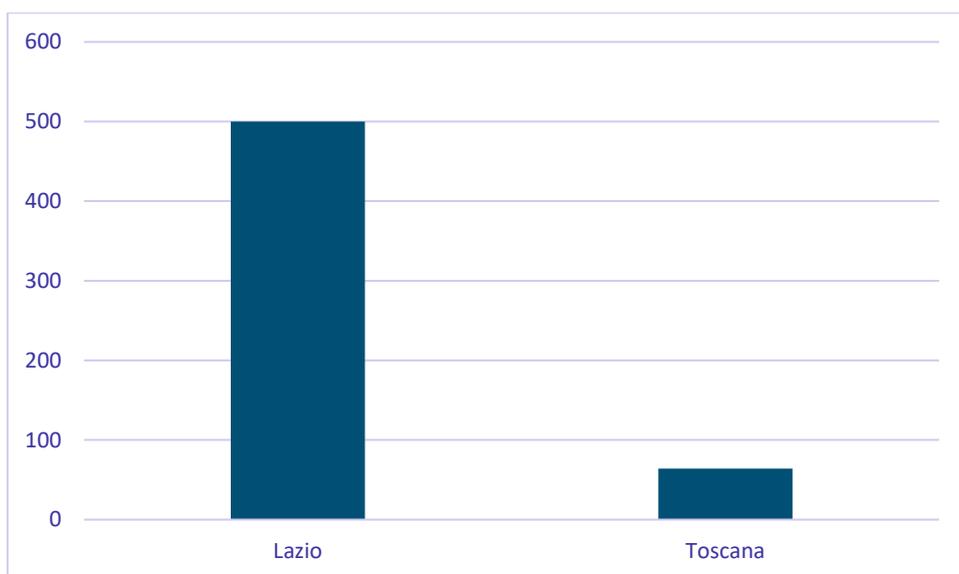


Grafico 1 - Numero degli isolati di origine umana di *Salmonella* spp. nell'anno 2023, conferiti da strutture ospedaliere e laboratori privati per le regioni Lazio e Toscana.

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 CERBA Healthcare (ex Lifebrain)- Guidonia (RM)	137
Ospedale Bambino Gesù (RM)	49
Policlinico A. Gemelli (RM)	40
Laboratorio Analisi Bios (RM)	31
Policlinico Umberto I (RM)	27
Ospedale San Camillo Forlanini (RM)	15
Ospedale San Filippo Neri (RM)	14
Ospedale di Formia (LT)	13
Policlinico Casilino (RM)	13
Ospedale Belcolle (VT)	12
Ospedale Colferro (RM)	11

Strutture ospedaliere/laboratori Lazio	Numero di isolati
Laboratorio Machiavelli Medical House (RM)	10
Ospedale Sant'Eugenio (RM)	10
Laboratorio Analisi Cliniche Caravaggio (RM)	9
Polo Ospedaliero di Genzano di Roma E. De Santis (RM)	9
Ospedale Sandro Pertini (RM)	9
Laboratorio Analisi Aurelia (RM)	8
Policlinico Tor Vergata (RM)	8
INMI L. Spallanzani (RM)	7
Ospedale San Giovanni Addolorata (RM)	6
Policlinico Campus Biomedico (RM)	5
IFO Istituto Dermatologico San Gallicano (RM)	4
Laboratorio Casella-Grottaferrata (RM)	4
Ospedale San Pietro Fatebenefratelli (RM)	4
Laboratorio Analisi Lepetit (RM)	3
Laboratorio gruppo Artemisia (RM)	3
Laboratorio Synlab (RM)	3
Ospedale Civita Castellana (VT)	3
Ospedale Civile di Acquapendente (VT)	3
Ospedale G.B. Grassi di Ostia (RM)	3
Ospedale S. Maria Goretti (LT)	3
Ospedale Sant'Andrea (RM)	3
Ospedale San Carlo (RM)	3
Laboratorio Analisi Ematolab (RM)	2
Laboratorio Axalab (RM)	2
Laboratorio Namur (RM)	2
Ospedale San Camillo De Lellis (RI)	2
Cento Diagnostico Buonarroti (RM)	1
Laboratorio Analisi Zaffino (RM)	1
Laboratorio Analisi Civitavecchia (RM)	1
Laboratorio Analisi Cliniche G. Alessandrini (RM)	1
Laboratorio Ricerche Cliniche Clodio (RM)	1
Laboratorio Biolab (RM)	1
Laboratorio Dott. G. Bugliosi-Albano (RM)	1
Laboratorio Gamma (RM)	1
Ospedale Civile di Tarquinia (VT)	1
Ospedale Madre Giuseppina Vannini (RM)	1
Totale	500

Tabella 1 - Strutture conferenti e numero di isolati di *Salmonella* spp. di origine umana raccolti nella regione Lazio nel 2023

Strutture ospedaliere/laboratori Toscana	Numero di isolati
Azienda Ospedaliero-Universitaria Pisana U. O. Microbiologia Universitaria (PI)	17
Azienda UsI Toscana nord ovest (LI)	7
Azienda UsI Toscana nord ovest – Zona Piana di Lucca (LU)	1
Ospedale di Cecina (LI)	7
Ospedale di Piombino (LI)	1
Ospedale San Donato (AR)	16
Ospedale San Luca (LU)	2
Ospedali riuniti di Livorno (LI)	13
Totale	64

Tabella 2 - Strutture conferenti e numero di isolati di *Salmonella* spp. di origine umana raccolti nella regione Toscana nell'anno 2023

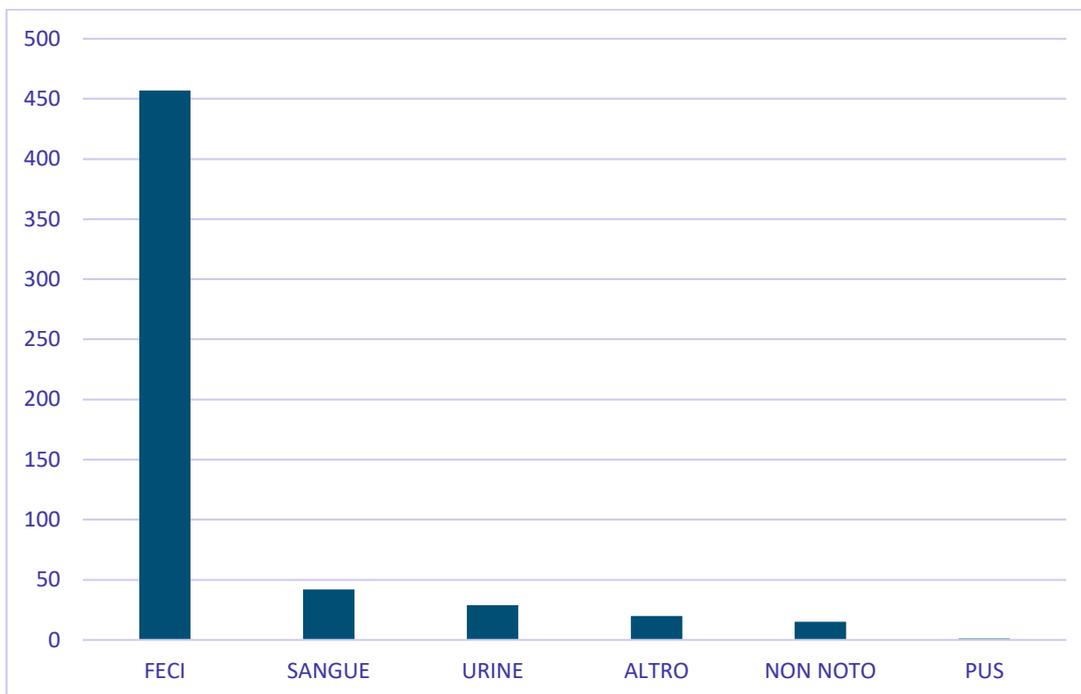


Grafico 2 – Matrici biologiche di isolamento di *Salmonella* spp. di origine umana

Nel 2023 i sierotipi più frequentemente isolati nell'uomo sono risultati *S. Typhimurium* variante monofasica, *S. Enteritidis* e *S. Stanley*, con un netto aumento della prevalenza di quest'ultimo rispetto all'anno precedente (4 isolati di *S. Stanley* collezionati nel 2022) (Tabella 3). Tale aumento è da attribuirsi ad un focolaio di *S. Stanley* verificatosi nel periodo di giugno 2023 in una serie di mense scolastiche in un comune della provincia di Roma.

Sierotipo	Numero isolati	%
<i>S. Typhimurium</i> variante monofasica	127	22.5
<i>S. Enteritidis</i>	121	21.4
<i>S. Stanley</i>	46	8.1
<i>S. Typhimurium</i>	34	6

Sierotipo	Numero isolati	%
S. Infantis	28	5
S. Agona	21	3.7
S. Derby	20	3.5
S. Napoli	17	3
S. Goldcoast	16	2.8
S. Typhimurium variante O:5-	14	2.5
S. Strathcona	8	1.4
S. Typhi	7	1.2
S. Brandenburg	6	1.1
S. Bredeney	4	0.7
S. Panama	4	0.7
S. Choleraesuis	3	0.5
S. Corvallis	3	0.5
S. Give	3	0.5
S. Mbandaka	3	0.5
S. Newport	3	0.5
S. Thompson	3	0.5
S. Coeln	2	0.4
S. Kapemba	2	0.4
S. Kentucky	2	0.4
S. Kottbus	2	0.4
S. Livingstone	2	0.4
S. Rissen	2	0.4
S. Saintpaul	2	0.4
S. Szentcs	2	0.4
S. Virchow	2	0.4
S. Abaetetuba	1	0.2
S. Anatum	1	0.2
S. Ball	1	0.2
S. Dublin	1	0.2
S. Farmingdale	1	0.2
S. Gaminara	1	0.2
S. Goelzau	1	0.2
S. Graz	1	0.2
S. Havana	1	0.2
S. Ibadan	1	0.2
S. Kasenyi	1	0.2
S. Kedougou	1	0.2
S. Kenya	1	0.2
S. Kintambo	1	0.2
S. Kuessel	1	0.2
S. Litchfield	1	0.2
S. Liverpool	1	0.2
S. London	1	0.2
S. Muenchen	1	0.2

Sierotipo	Numero isolati	%
S. Nashua	1	0.2
S. Nchanga	1	0.2
S. Paratyphi A	1	0.2
S. Poona	1	0.2
S. Schwarzengrund	1	0.2
S. Senftenberg	1	0.2
S. Stanleyville	1	0.2
S. Stoneferry	1	0.2
S. Telelkebir	1	0.2
S. Tennessee	1	0.2
S. Zega	1	0.2
Altri sierotipi	25	4.4
Totale	564	100

Tabella 3 - Distribuzione dei sierotipi prevalenti di *Salmonella* spp. di origine umana nelle regioni Lazio e Toscana

Fasce d'età	F	M	Non noto
0-11 mesi	7	7	-
1-5 anni	53	71	3
6-15 anni	39	69	1
16-30 anni	22	29	2
31-60 anni	50	52	-
61-80 anni	39	53	2
81-101 anni	37	27	-
Non noto		-	1
Totale	247	308	9

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 2023 sono stati notificati dal CREP alla rete Enter-vet complessivamente 300 ceppi di *Salmonella* spp. di cui 151 (50.3%) provenienti dal Lazio, 148 (49.3%) dalla Toscana e 1 (0.3%) dalla Sardegna (Tabella 5). In ambito veterinario il numero di isolati conferiti ha subito un lieve decremento per entrambe le regioni (-16.6% per il Lazio e -7.5% per la Toscana rispetto al 2022).

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	%
Toscana	148	49.3%
Lazio	151	50.3%
Sardegna	1	0.3%
Totale	300	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>	163	2	108	4	1	278
	<i>diarizonae</i>	1		7			8
	<i>houtenae</i>	2		2			4
	<i>salamae</i>	2		1			3
Formula incompleta/non tipizzabile		3		4			7
	Totale	171	2	122	4	1	300

Tabella 6 - Ripartizione per specie e sottospecie degli isolati di *Salmonella* spp. di origine veterinaria raccolti nell'anno 2023

In riferimento ai sierotipi clinicamente rilevanti, nel corso del 2023, la frequenza di isolamento di *S. Enteritidis* è leggermente diminuita rispetto all'anno precedente passando dal 3.2% al 2%. I livelli di *S. Typhimurium* e della sua variante monofasica sono rimasti pressoché costanti, passando rispettivamente dal 5% al 5.3% e dal 4.7% al 4.3% (Tabella 7). Come l'anno precedente, non sono stati registrati isolamenti di *S. Virchow* e di *S. Hadar*.

Sierotipo	Numero isolati	%
S. Infantis	106	35.3%
S. Kentucky	25	8.3%
S. Agona	23	7.7%
S. Typhimurium	16	5.3%
S. Typhimurium variante monofasica	13	4.3%
S. Derby	8	2.7%
S. Anatum	6	2.0%
S. Enteritidis	6	2.0%
S. Napoli	6	2.0%
S. Senftenberg	5	1.7%
S. Thompson	5	1.7%
S. Abortusovis	4	1.3%
S. Abony	3	1.0%
S. Bredeney	3	1.0%

Sierotipo	Numero isolati	%
S. Corvallis	3	1.0%
S. Dublin	3	1.0%
S. Goldcoast	3	1.0%
S. Mikawasima	3	1.0%
S. Coeln	2	0.7%
S. Give	2	0.7%
S. Isangi	2	0.7%
S. Mbandaka	2	0.7%
S. Muenster	2	0.7%
S. Agbeni	1	0.3%
S. Albany	1	0.3%
S. Bardo	1	0.3%
S. Bovismorbificans	1	0.3%
S. Chester	1	0.3%
S. Ferruch	1	0.3%
S. Goettingen	1	0.3%
S. Halle	1	0.3%
S. Hermannswerder	1	0.3%
S. Hvitvingfoss	1	0.3%
S. Kasenyi	1	0.3%
S. Kedougou	1	0.3%
S. Kottbus	1	0.3%
S. Litchfield	1	0.3%
S. Liverpool	1	0.3%
S. Livingstone	1	0.3%
S. London	1	0.3%
S. Muenchen	1	0.3%
S. Newport	1	0.3%
S. Ohio	1	0.3%
S. Rubislaw	1	0.3%
S. Stanley	1	0.3%
S. Tennessee	1	0.3%
S. Toulon	1	0.3%
Formula incompleta/non tipizzabile/altre sottospecie	25	8.3%
Totale	300	100

Tabella 7 - Isolati di *Salmonella* spp. di origine veterinaria raccolti nel 2023 ripartiti per sierotipo di appartenenza

Salmonella spp. negli animali

Sierotipo	BOVINO	CANE	CAPRINO	CINGHIALE	GALLINA OVAIOLA	GATTO	MAMMIFERO SELVATICO	OVINO	POLLO	RETTILE	SPECIE ANIMALE NON NOTA	SUINO	TACCHINO	UCCELLO	VOLPE	Totale
S. Abony							1			1						2
S. Abortusovis								4								4
S. Agona					2			3				1	2			8
S. Anatum					1											1
S. Bardo														1		1
S. Bovismorbificans											1					1
S. Chester		1														1
S. Coeln					1										1	2
S. Corvallis				1										2		3
S. Derby								1								1
S. Dublin	2															2
S. Enteritidis					6											6
S. Ferruch			1													1
S. Give							1									1
S. Halle					1											1
S. Hermannswerder			1													1
S. Hvittingfoss										1						1
S. Infantis		1			3	4	1		4				1			14
S. Kentucky					24				1							25
S. Kottbus							1									1
S. Liverpool													1			1
S. Mbandaka					1											1
S. Mikawasima			2													2
S. Muenster					2											2
S. Napoli					2									1	2	5
S. Ohio				1												1
S. Rubislaw										1						1
S. Senftenberg					3									2		5
S. Stanley													1			1
S. Typhimurium	2				1		1							4		8
S. Typhimurium variante monofasica	1			1									1			3
Altri sierotipi				1	3			5		5				1		15
Totale	5	2	4	4	50	4	5	13	5	8	1	1	5	12	3	122

Tabella 8 - Numero e prevalenza dei principali sierotipi di *Salmonella* spp. nelle specie animali collezionati nel 2023

Sierotipo	Numero isolati	%
S. Kentucky	6	40
S. Senftenberg	3	20
S. Enteritidis	2	13.3
S. Agona	1	6.7
S. Infantis	1	6.7
S. Mbandaka	1	6.7
Non tipizzabile	1	6.7
Totale	15	100

Tabella 9 - Sierotipi di *Salmonella* spp. isolati da feci di galline ovaiole nell'anno 2023

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

Anche nel 2023 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 (92 isolati), seguito da *S. Agona* e *S. Typhimurium* variante monofasica (14 e 9 isolati, rispettivamente) (Tabella 10). Nel 2023 sono stati isolati anche 2 ceppi provenienti da tamponi ambientali prelevati presso un allevamento (*S. Anatum*).

Sierotipo	ANATRA	BOVINO	CAPRINO	CINGHIALE	ITTICA	OVINO	POLLO	SUINO	TACCHINO	ALTRO	Totale
S. Abony								1			1
S. Agbeni					1						1
S. Agona							3		11		14
S. Albany									1		1
S. Anatum									1	2	3
S. Bredeney			1			1	1				3
S. Derby				1	1		1	3		1	7
S. Dublin		1									1
S. Give		1									1
S. Goettingen				1							1
S. Goldcoast								1		1	2
S. Infantis							86	4		2	92
S. Isangi							1	1			2
S. Kasenyi					1						1
S. Kedougou							1				1
S. Litchfield					1						1
S. Livingstone							1				1
S. London					1						1
S. Mbandaka								1			1
S. Mikawasima				1							1

Sierotipo	ANATRA	BOVINO	CAPRINO	CINGHIALE	ITTICA	OVINO	POLLO	SUINO	TACCHINO	ALTRO	Totale
S. Muenchen								1			1
S. Newport									1		1
S. Thompson							3		2		5
S. Toulon					1						1
S. Typhimurium	1			1	3					3	8
S. Typhimurium var. monofasica		1			1			6		1	9
Altri sierotipi				4		1	3		1	1	10
Totale	1	3	1	8	10	2	100	19	17	10	171

Tabella 10 - Sierotipi prevalenti di *Salmonella* spp. isolati negli alimenti nel 2023

Nell'anno 2023, sono stati isolati 4 ceppi di *Salmonella* da mangime appartenenti ai sierotipi S. Agona, S. Goldcoast, S. Napoli e S. Tennessee.

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 11) e da campioni cecali di suino e bovino (Tabella 12) per l'anno 2023 e conferiti al CREP dal Centro di Referenza Nazionale (CRN-AR) e National Reference Laboratory for Antimicrobial Resistance (NRL-AR).

Sierotipo	Suini	Bovini	Totale
S. Derby	2	-	2
S. Typhimurium monofasica	1	-	1
S. Telaviv	-	1	1
S. London	1	-	1
S. Brandenburg	1	-	1
Totale	5	1	6

Tabella 11 - Sierotipi di *Salmonella* spp. isolati nei campioni di carne fresche di suino e bovino, prelevate nell'ambito del piano AMR nell'anno 2023

Sierotipo	Suini	Bovini	Totale
S. Derby	27	-	27
S. Typhimurium monofasica	20	1	21
S. Brandenburg	7	-	7
S. Rissen	6	-	6
S. Bredeney	6	1	7
S. London	3	-	3
S. Anatum	1	-	1
S. Enteritidis	1	-	1
S. Goldcoast	1	-	1
S. Kapemba	1	-	1
S. Muenchen	1	-	1
S. Nchanga	1	-	1
S. Newport	1	-	1
S. Clackamas	1	-	1
S. Typhimurium	1	3	4
S. Bovismorbificans	-	2	2
S. Isangi	-	1	1
S. Takoradi	-	1	1
Totale	78	9	87

Tabella 12 - Sierotipi di *Salmonella* spp. isolati nei campioni cecali di suino e bovino prelevati nell'ambito del piano AMR nell'anno 2023.

LISTERIA MONOCYTOGENES 2023

Listeria monocytogenes di origine umana

Nel 2023 sono stati raccolti 56 isolati di origine umana di *L. monocytogenes* presso il LRPTAU, di cui 35 provenienti dal Lazio e 21 dalla Toscana (Tabella 13 e 14). Rispetto al 2022, si apprezza un significativo incremento dei ceppi collezionati dal Lazio (29 ceppi collezionati nel 2022).

Strutture Ospedaliere/Laboratori	Numero di isolati
IRCCS San Raffaele Pisana (RM)	1
Ospedale Santa M. Goretti (LT)	1
Policlinico Casilino (RM)	1
Policlinico Tor Vergata (RM)	1
Campus Biomedico (RM)	2
Ospedale San Filippo Neri (RM)	2
INMI L. Spallanzani (RM)	2
Ospedale Sant'Andrea (RM)	2
Ospedale San Giovanni Addolorata (RM)	2
Ospedale San Camillo Forlanini (RM)	3
Policlinico Gemelli (RM)	6
Policlinico Umberto I (RM)	12
Totale	35

Tabella 13 - Strutture conferenti e numero di isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nell'anno 2023 nella regione Lazio

Strutture Ospedaliere/Laboratori	Numero di isolati
Azienda Ospedaliero Universitaria Pisana (PI)	5
Ospedale della Misericordia di Grosseto (GR)	1
Ospedale di Piombino (LI)	1
Ospedale di Livorno (LI)	2
Ospedale San Donato (AR)	2
UOSD Microbiologia (AR)	2
Azienda Ospedaliero Universitaria Senese (SI)	4
Ospedale di Lucca (LU)	4
Totale	21

Tabella 14 - Strutture conferenti e numero di isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nell'anno 2023 nella regione Toscana

Le matrici biologiche più frequentemente positive sono risultate il liquor ed il sangue (Tabella 15). Anche nel 2023 gli over 70 hanno rappresentato la fascia d'età maggiormente colpita (Tabella 16).

Matrice	Numero isolati	%
Materiale organico	1	1.8
Placenta	1	1.8
Liquido di drenaggio	2	3.6
Liquor	10	17.9
Sangue	42	75
Totale	56	100

Tabella 15 - Matrici di provenienza degli isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nel 2023

Fascia d'età	Sesso		
	F	M	Non noto
< 1 anno	1	2	
35-60 anni	7	4	
61-70 anni	2	10	1
72-80 anni	2	11	1
82-91 anni	9	5	
Non noto			1
Totale	21	32	3

Tabella 16 - Distribuzione per fascia d'età e per sesso dei casi relativi agli isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nel 2023

Il 2023 ha visto un'inversione di tendenza nelle frequenze dei sierotipi di *L. monocytogenes*. È stato infatti registrato un calo nella frequenza del sierotipo 1/2a rispetto al 2022 (dal 56.3% al 34%) a dispetto di un aumento registrato nella frequenza del sierotipo 1/2b (dal 10.4% al 25%). Le frequenze dei sierotipi 4b/4e (32.1%) e 1/2c (5.4%) non hanno mostrato cambiamenti rilevanti rispetto all'anno precedente (Grafico 3).

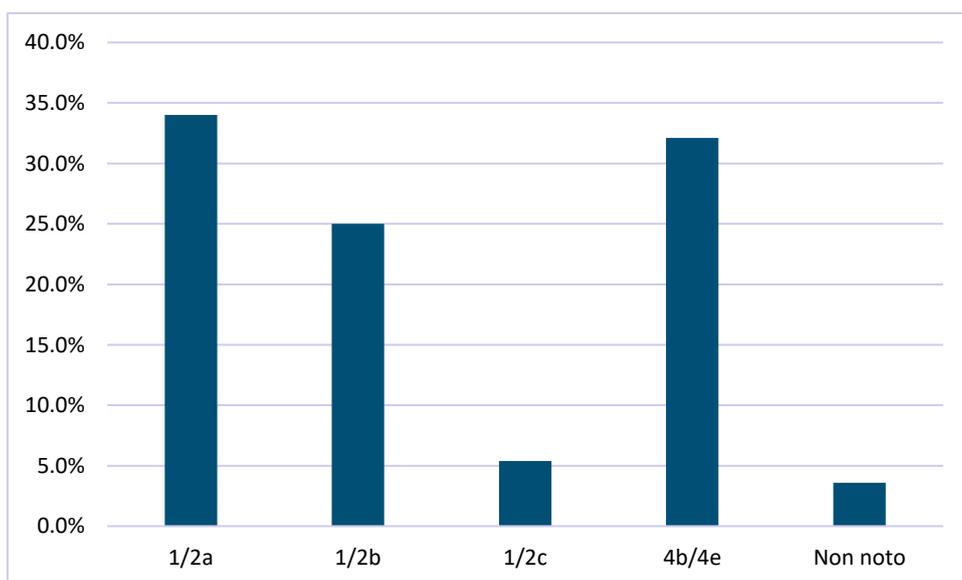


Grafico 3 – Distribuzione dei sierotipi degli isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nell'anno 2023

Listeria monocytogenes di origine veterinaria

Nell'anno 2023, sono complessivamente pervenuti al CREP 78 isolati di *L. monocytogenes* di origine veterinaria (33 toscani e 45 laziali), di cui 44 di origine alimentare (Tabella 17) e 34 di origine ambientale (Tabella 18), provenienti da un totale di 35 campioni testati.

La categoria di alimenti più frequentemente positiva per la presenza di *L. monocytogenes* è risultata anche nel 2023 quella dei prodotti e delle preparazioni a base di carne (34 isolati totali di cui 1 da carne di pollame, 20 da carne suina e 13 da carne bovina). Il sierotipo prevalentemente riscontrato negli alimenti è stato l'1/2c e nell'ambiente l'1/2b (Tabella 19).

Matrice alimentare	Numero isolati /Sierotipo					Totale
	1/2a	1/2b	1/2c	3a	Non tipizzabile	
Prodotti/preparazioni a base di carne	5	2	20		7	34
Latte e derivati	1	2	1			4
Prodotti ittici	3			1		4
Preparazioni gastronomiche a base di pesce	2					2
Totale	11	4	21	1	7	44

Tabella 17 - Distribuzione per matrice di provenienza e per sierotipo degli isolati di *L. monocytogenes* di origine alimentare collezionati nell'anno 2023

Matrice ambientale	Numero isolati /Sierotipo			Totale
	1/2a	1/2b	Non tipizzabile	
Cassetta di stoccaggio		5		5
Cella stagionatura		2		2
Ripiano grigliato cella del fresco (asciugatura)		2		2
Sguscio cella frigo	1	2		3
Sponge su canestrato di totò		7	1	8
Tampone di superficie	3	3		6
Tombino		8		8
Totale	4	29	3	34

Tabella 18 - Distribuzione per sierotipo degli isolati di *L. monocytogenes* di origine ambientale collezionati nell'anno 2023

YERSINIA ENTEROCOLITICA 2023

Yersinia enterocolitica di origine umana

Nell'anno 2023 sono complessivamente pervenuti al LRPTAU 15 ceppi di *Y. enterocolitica* di origine umana (Tabella 19). La fascia d'età maggiormente colpita è stata quella degli adulti dai 25 ai 79 anni (Tabella 20). In tabella 22 è riportata la distribuzione degli isolati per sierogruppo d'appartenenza. Si apprezza un leggero aumento delle strutture conferenti rispetto all'anno precedente.

Strutture ospedaliere/laboratori	Numero isolati
Laboratorio Analisi Bios (RM)	2
Laboratorio Analisi LIFE BRAIN Guidonia (RM)	3
Ospedale Bambino Gesù (Roma)	4
Ospedale S. Eugenio (RM)	1
Policlinico A. Gemelli (RM)	2
Policlinico Tor Vergata (RM)	2
Policlinico Umberto I (RM)	1
Totale	15

Tabella 19 - Strutture conferenti e numero di isolati di *Y. enterocolitica* di origine umana collezionati nell'anno 2023

Fascia d'età	F	M	Totale
0-24 mesi	1	1	2
3-8 anni		5	5
10-12 anni		1	1
25-79 anni	1	6	7
Totale	2	13	15

Tabella 20 - Distribuzione per fasce d'età e per sesso dei casi relativi agli isolati *Y. enterocolitica* di origine umana per l'anno 2023

Sierogruppo	Numero isolati
Sierogruppo O:3	5
Sierogruppo O:5	1
Ceppo in fase R	1
Non appartenente ai sierogruppi O1-O2, O3, O5, O8, O9	
Totale	15

Tabella 21 - Distribuzione per sierogruppo di appartenenza degli isolati di *Y. enterocolitica* di origine umana per l'anno 2023

Yersinia enterocolitica di origine alimentare

Nel 2023 è stato conferito al CREP 1 isolato di *Y. enterocolitica* di origine alimentare (isolato da carote julienne) appartenente al sierogruppo O:8.

CAMPYLOBACTER 2023

Campylobacter spp. di origine umana

Nel 2023 sono stati complessivamente raccolti dal LRPTAU 197 isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana, prevalentemente appartenenti alla specie *C. jejuni* (86.8%) (Tabella 22). Si segnala per la Toscana il contributo dell'Ospedale San Donato di Arezzo che ha conferito 6 isolati (Tabella 23). La fascia d'età più colpita per il 2023 risulta quella compresa tra i 21 ed i 40 anni (Tabella 24).

Specie	Numero isolati	%
<i>Campylobacter jejuni</i>	171	86.8
<i>Campylobacter coli</i>	21	10.7
<i>Campylobacter fetus</i>	1	0.5
<i>Campylobacter upsaliensis</i>	2	1.0
<i>Campylobacter lari</i>	1	0.5
<i>Campylobacter</i> spp.	1	0.5
Totale	197	100

Tabella 22– Distribuzione per specie d'appartenenza degli isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana collezionati nel 2023 nel Lazio e nella Toscana

Strutture	Numero isolati
Cerba Healthcare Italia Guidonia (RM)	24
Laboratorio BIOS (RM)	25
Laboratorio Bios Prevention S.R.L (RM)	38
Ospedale Sant'Eugenio (RM)	3
Laboratorio Gamma (RM)	5
Laboratorio Aurelia (RM)	1
Ospedale Bambino Gesù (RM)	63
Ospedale San Pietro Fatebenefratelli (RM)	1
Ospedale Sandro Pertini (RM)	8
Policlinico Umberto I (RM)	3
Policlinico Casilino (RM)	13
Policlinico Tor Vergata (RM)	7
Ospedale San Donato di Arezzo (AR)	6
Totale	197

Tabella 23 – Strutture conferenti e numero di isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana collezionati nell'anno 2023 nel Lazio e nella Toscana

Fascia età	Numero isolati
0-2 anni	25
3-10 anni	38
11-20 anni	32
21-40 anni	42
41-60 anni	25
61-80 anni	27
Over 80	3
Non noto	5
Totale	197

Tabella 24 - Distribuzione per fasce d'età dei casi relativi agli isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana nell'anno 2023

Campylobacter spp. di origine alimentare

Nel corso dell'anno 2023, il CREP ha collezionato complessivamente 21 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., ad eccezione di un campione costituito da un hamburger a base di carne mista (tacchino, pollo e bovino).

Specie	Numero isolati	%
<i>Campylobacter jejuni</i>	11	52.4
<i>Campylobacter coli</i>	9	42.9
<i>Campylobacter</i> spp.	1	4.8
Totale	21	100

Tabella 25 – Distribuzione per specie d'appartenenza degli isolati di *Campylobacter* spp. di origine alimentare collezionati nel 2023

ESCHERICHIA COLI STEC 2023

Escherichia coli STEC di origine umana

Nel 2023 sono pervenuti al LRPTAU 4 isolati di *E. coli* STEC di origine umana (Tabella 26).

Ospedale	Isolati (gene/sierogrupo)
Ospedale S. Pertini	1 (eae+/vtx1a+/vtx2a-c/O:157/H:7)
Policlinico Casilino	1 (eae-/vtx1-/vtx2e+/O:8/H:9) 1 (eae-/vtx1+/vtx2-/ND)
San Camillo Forlanini	1 (eae+/vtx1a+/vtx2-/O:26/H:11)
Totale	4

Tabella 26 – Distribuzione per positività alla presenza dei geni dell'intimina (eae) e delle verocitotossine 1 e 2 e per sierogrupo di appartenenza degli isolati di *E. coli* STEC di origine umana per l'anno 2023

Escherichia coli STEC di origine alimentare

Per l'anno 2023 sono stati collezionati tre ceppi di *E. coli* STEC di origine alimentare provenienti dalla Toscana (Tabella 27)

Matrice	Numero colonie	Ceppi (gene/sierogrupo)
Carne bovina argentina refrigerata	1	1 (eae-/vtx1-/vtx2a+/O:91/H:28)
Mini tartare di bovino adulto	3	1 (eae-/vtx1-/vtx2d+/O:168/H:8)
Tartare di scottona	1	1(eae+/vtx1-/vtx2a+/O103)
Totale	5	3

Tabella 27 – Distribuzione per positività alla presenza dei geni dell'intimina (eae) e delle verocitotossine 1 e 2 e per sierogrupo di appartenenza degli isolati di *E. coli* STEC di origine alimentare isolati in Toscana per l'anno 2023

Matrice	Numero colonie	Ceppi (gene/sierogruppo)
Latte crudo di massa	3	1 (eae- /vtx1c+/vtx2b+/O:113/H:4) 1(eae-/vtx1c+/vtx2- /O:112ab/H:2)
Tartare di filetto	2	1 (eae-/vtx1+/vtx2-/ND)
Latte crudo per vendita diretta	1	1 (eae-/vtx1-/vtx2+/ND)
Hamburger	3	1 (eae-/vtx1-/vtx2+/ND)
Totale	9	4

Tabella 28 – 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 alimentare isolati nel Lazio per l'anno 2023

SHIGELLA 2023

Nel corso dell'anno 2023, il LRPTAU ha collezionato complessivamente 4 isolati di *Shigella* spp. di origine umana.

Specie	Laboratorio di provenienza	Matrice	Numero isolati
<i>Shigella flexneri</i>	Ospedale San Filippo Neri	feci	1
	INMI Lazzaro Spallanzani	sangue	1
	Policlinico Gemelli	feci	1
<i>Shigella sonnei</i>	Policlinico Casilino	feci	1
Totale			4

Tabella 29 - Isolati di *Shigella* spp. di origine umana ripartiti per specie di appartenenza collezionati presso il LRPTAU nel 2023

Non risultano isolamenti di *Shigella* spp. da alimenti per l'anno 2023.

VIBRIO 2023

Nel corso dell'anno 2023, il LRPTAU ha collezionato un ceppo di *Vibrio cholerae* non appartenente ai sierogruppi O1-O139 di origine umana isolato da feci presso l'INMI Lazzaro Spallanzani ed un ceppo di *V. cholerae* non appartenente ai sierogruppi O1-O139 isolato presso il Policlinico Gemelli.

Nel corso del 2023 il CRRLm ha identificato e collezionato 4 isolati di origine alimentare (Mazzancolle tropicale congelata) di *V. cholerae* non appartenenti ai sierogruppi O1-O139 e STN/STO negativi, prelevati dal PCF di Livorno e provenienti da stato di produzione estero (Ecuador).

APPENDICE - Dati dall'Europa: il Rapporto EFSA/ECDC sulle zoonosi in Europa 2022

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 12 Stati non membri dell'Unione Europea (UE) nel 2022.

Nel 2022 le zoonosi maggiormente segnalate nell'uomo sono state la campylobatteriosi e la salmonellosi, rispettivamente al primo e al secondo posto, con un trend stabile rispetto al 2021.

Nel 2022 19 SM e il Regno Unito (Irlanda del Nord) hanno raggiunto tutti gli obiettivi prefissati per la riduzione della prevalenza dei sierotipi rilevanti di *Salmonella* nelle popolazioni avicole. Nei campioni per la ricerca di *Salmonella*, prelevati da carcasse di diverse specie animali, e in quelli per le analisi quantitative di *Campylobacter*, prelevati dalle carcasse di polli, le positività riscontrate sono state maggiori durante i controlli ufficiali rispetto alle analisi condotte in autocontrollo. La yersinosi 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 *L. 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. Rispetto al 2021, nel 2022 è stato registrato un aumento di più del 600% dei casi autoctoni di infezione da virus della West Nile, che viene trasmesso attraverso punture di zanzare. In UE il numero dei focolai di tossinfezioni alimentari, nonché dei casi totali, delle ospedalizzazioni e delle morti è stato più elevato nel 2022 rispetto al 2021. In particolare, il numero di decessi riconducibili ai focolai di tossinfezioni alimentari è stato il più alto registrato in UE negli ultimi 10 anni: tale dato è imputabile principalmente ai focolai di infezione da *L. monocytogenes* e in minor misura ai casi di salmonellosi. *S. Enteritidis* resta, come l'anno precedente, il patogeno maggiormente isolato nei focolai di malattie a trasmissione alimentare (MTA). Infine, Norovirus (e altri calicivirus) è stato il patogeno coinvolto nel maggior numero di casi umani associati a focolai (N=7305).

Dati sulle zoonosi umane nel 2022

Il numero di casi umani confermati di zoonosi riportato nel 2022 è schematizzato in Tabella A1. Nel 2022 la campylobatteriosi rappresenta la zoonosi maggiormente riscontrata, come ogni anno dal 2005. Essa costituisce il 61.3% di tutti i casi umani segnalati e confermati nel 2022 ed è seguita da salmonellosi, yersinosi, infezioni da STEC e listeriosi, in quest'ordine di frequenza. La gravità delle patologie è stata descritta analiticamente sulla base del numero di ricoveri e dell'esito dei casi riportati (Tabella A1). 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% e 86.9%) e letalità (rispettivamente 8.3 % e 18.1%). Considerando, invece, il numero assoluto di morti, la listeriosi si conferma in testa alle statistiche con 286 decessi, seguita dalla West Nile (N=92) e dalla salmonellosi (N=81; tasso di letalità=0.22%).

Per quel che concerne i casi di MTA, *Salmonella* ha registrato il maggior numero di infezioni e focolai, seguita dalle "tossine batteriche, non specificate" e da Norovirus (e altri calicivirus). Complessivamente, nel 2022 il numero di focolai di MTA è aumentato del 43.9% rispetto al 2021, in particolare i numeri di casi umani, ricoveri e decessi associati a focolai di MTA sono cresciuti rispettivamente del 49.4%, 11.5% e 106.5% rispetto all'anno precedente.

Disease	Surveillance data on human cases (source: ECDC)											Foodborne outbreaks (source: EFSA)						
	Confirmed human cases	Hospitalisations					Deaths					Outbreaks	Hospitalisations and proportion of hospitalised cases				Deaths and case fatality	
		Status available		Reporting MSs ^a	Cases and proportion of hospitalised cases		Outcome available		Reporting MSs ^a	Deaths and Case fatality			N	N	Hospitals and proportion of hospitalised cases		N	%
		N	%		N	%	N	%		N	%				N	%		
Campylobacteriosis	137,107	44,876	32.7	16	10,551	23.5	84,425	61.6	17	34	0.04	255	1097	83	7.6	0	0	
Salmonellosis	65,208	29,003	44.5	17	11,287	38.9	36,856	56.5	17	81	0.22	1014	6632	1406	21.2	8	0.12	
Yersiniosis	7919	2113	26.7	17	636	30.1	3765	47.5	17	0	0	14	96	4	4.2	0	0	
STEC infections	7117	2933	41.2	17	1130	38.5	4824	67.8	21	28	0.58	71	408	63	15.4	1	0.25	
Listeriosis	2738	1386	50.6	19	1330	96.0	1578	57.6	21	286	18.1	35	296	242	81.8	28	9.5	
West Nile virus infection ^b	1111	366	32.9	8	318	86.9	1111	100.0	11	92	8.3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	
Echinococcosis	722	277	38.4	15	128	46.2	405	56.1	15	1	0.25	0	0	0	-	0	-	
Q fever	719	NA	NA	NA	NA	NA	445	61.9	14	4	0.90	0	0	0	-	0	-	
Tularaemia	620	151	24.4	10	91	60.3	227	36.6	11	2	0.88	0	0	0	-	0	-	
Brucellosis	198	79	39.9	10	55	69.6	81	40.9	10	0	0	0	0	0	-	0	-	
Tuberculosis caused by <i>M. bovis</i> , <i>M. caprae</i>	130	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	
Trichinellosis ^c	41	11	26.8	5	7	63.6	11	26.8	5	0	0	7	68	10	14.7	0	0	
Rabies	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	

Tabella A1: Numero di ricoveri e decessi dovuti a zoonosi in casi umani confermati e a focolai di MTA nell'UE nel 2022 (fonte: The European Union One Health 2022 Zoonoses Report)

Campylobacter in Europa nel 2022

Campylobacter spp. nell'uomo

La campylobatteriosi è stata l'infezione gastrointestinale a trasmissione alimentare più comunemente segnalata all'interno dell'UE. Nel 2022 sono stati registrati 137'107 casi di campylobatteriosi umana, corrispondenti ad un tasso di notifica all'UE di 43.1 casi ogni 100'000 abitanti, con tendenza stabile rispetto ai dati del 2021. Il trend complessivo per la campylobatteriosi in UE nel periodo 2018-2022 non ha evidenziato una crescita o una flessione statisticamente significative.

Nella maggior parte dei casi ad origine nota (96.1%) l'infezione è stata contratta nel territorio UE, in calo rispetto al dato del 2021 (99.1%), ma più elevato rispetto al tasso medio (94.2%) del biennio pre-pandemico 2019-2020. Nel 2022, in totale, sono stati segnalati all'EFSA 255 focolai causati da *Campylobacter*, che hanno condotto a 1.097 casi di malattia, 83 ricoveri e nessun decesso. 16 dei 255 focolai sono stati registrati come "a forte evidenza" e 239 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" (9 focolai), l'acqua (2 focolai), gli "alimenti misti", la "carne bovina e suoi derivati", i "cibi da buffet", i "latticini diversi dai formaggi" e "altri alimenti" (1 focolaio per categoria).

Campylobacter spp. negli alimenti

Nel 2022 24 SM e il Regno Unito (Irlanda del Nord) hanno riportato dati nel contesto dei criteri di igiene di processo per *Campylobacter*, come previsto dal Regolamento (CE) 2073/2005. 16 SM e il Regno Unito (Irlanda del Nord) hanno segnalato che, in regime di controllo ufficiale, su 7'905 campioni di pelle di collo prelevati di carcasse di polli da carne nei macelli dell'UE, il 38.3% dei campioni è risultato positivo a *Campylobacter* e il 19.4% ha superato il limite di 1'000 UFC/g. 20 SM hanno riportato, su 58'372 test svolti in regime di autocontrollo, che il 39% dei campioni è risultato positivo a *Campylobacter*, mentre il 17.5% ha superato il limite di 1'000 UFC/g. In particolare, 12 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 (22.1%) rispetto all'autocontrollo (9%).

Nel 2022 11 SM hanno segnalato la positività a *Campylobacter* nello 0.11% dei 2774 campioni di alimenti "Ready to Eat" (RTE) prelevati, appartenenti alle categorie "carne macinata da altre specie di avicoli destinata ad essere consumata cruda" e "ostriche". Delle 25.601 unità campionarie di alimenti "non pronti al consumo" l'11.1% è risultato positivo secondo le segnalazioni di 16 SM, con il più alto tasso di contaminazione (11.6%) nella "carne e prodotti a base di carne". *Campylobacter* è stato isolato da tutte le categorie di carni fresche, con le carni di pollo e tacchino che hanno evidenziato i più alti tassi di contaminazione, rispettivamente il 12% e l'11.2%.

Campylobacter spp. negli animali

Nel 2022 *Campylobacter* spp. è stato identificato in più di 40 differenti specie animali da 14 SM e il Regno Unito (Irlanda del Nord) e 3 Stati non-membri. Circa il 40% delle unità campionarie testate in UE (N=9'035) è pervenuta da polli da carne, con una percentuale di positività pari al 18.1%. Infine, le unità campionarie positive sono state il 71.9% per i tacchini, 12.5% per cani e gatti, il 6.4% per i bovini, il 2.2% per i piccoli ruminanti e l'1.8% per i suini.

Campylobacter in the EU, 2022

Human cases

Notification rate (per 100,000 population) **43.1**

Trend (2018-2022) **—** ↑ Increasing
↓ Decreasing
— Stable

137,107 Cases of illness

78,501 Infections acquired in the EU

10,551 Hospitalisations

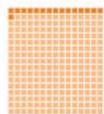
3,224 Infections acquired outside the EU

34 Deaths

55,382 Unknown travel status or unknown country of infection

■ ECDC data

Foodborne outbreaks and related cases



255 Foodborne outbreaks

1,097 Cases of illness

16 Strong-evidence outbreaks ■

83 Hospitalisations

239 Weak-evidence outbreaks ■

Implicated food vehicles (Strong-evidence outbreaks)

Top food vehicles



Broiler meat (*Gallus gallus*) and products thereof

9 Outbreaks



Water

2 Outbreaks

Mixed food, Bovine meat and products thereof, Buffet meals, Dairy products (other than cheeses), Other food.

1 Outbreak (each)

N of outbreaks

Austria	8
Belgium	4
Bulgaria	0
Croatia	0
Cyprus	0
Czechia	3
Denmark	11
Estonia	0
Finland	3
France	72
Germany	71
Greece	3
Hungary	0
Ireland	0
Italy	11
Latvia	1
Lithuania	2
Luxembourg	0
Malta	12
Netherlands	5
Poland	2
Portugal	0
Romania	0
Slovakia	18
Slovenia	0
Spain	27
Sweden	2
UK (N. Ireland)	0

N of outbreaks per 100,000 population*

AT	0.089	■ 0.00
BE	0.034	■ 0.001-0.019
BG	0	■ 0.020-0.039
HR	0	■ 0.040-0.079
CY	0	■ 0.080-0.140
CZ	0.029	■ > 0.40
DK	0.187	■ non-EU
EE	0	
FI	0.054	
FR	0.106	
DE	0.085	
EL	0.029	
HU	0	
IE	0	
IT	0.019	
LV	0.053	
LT	0.071	
LU	0	
MT	2.303	
NL	0.028	
PL	0.005	
PT	0	
RO	0	
SK	0.331	
SI	0	
ES	0.057	
SE	0.019	
XI	0	

N of outbreak cases per 100,000 population

AT	0.189	■ 0.00
BE	0.241	■ 0.01-0.10
BG	0	■ 0.11-0.20
HR	0	■ 0.21-0.40
CY	0	■ 0.41-0.80
CZ	0.447	■ > 0.80
DK	1.737	■ non-EU
EE	0	
FI	0.360	
FR	0.560	
DE	0.196	
EL	0.076	
HU	0	
IE	0	
IT	0.073	
LV	1.173	
LT	0.143	
LU	0	
MT	7.486	
NL	0.125	
PL	0.019	
PT	0	
RO	0	
SK	0.681	
SI	0	
ES	0.264	
SE	0.316	
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.

■ EFSA data

Figura 1: *Campylobacter* nell'UE nel 2022 (fonte: The European Union One Health 2022 Zoonoses Report)

Salmonella in Europa nel 2022

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 focolai di MTA negli SM dell'UE e in Stati non-membri.

Nel 2022 sono stati confermati 65'208 casi di salmonellosi umana, con un tasso di notifica all'UE di 15.3 casi ogni 100'000 abitanti, stabile rispetto ai dati del 2021. La tendenza generale per la salmonellosi nel periodo 2018-2022 non ha evidenziato incrementi o flessioni statisticamente significativi.

Nel 2022 la percentuale di casi di ospedalizzazione è stata del 38.9%, in leggero aumento rispetto al 2021, con un tasso di letalità pari allo 0.22%, simile a quello dell'anno precedente.

I sierotipi di *Salmonella* maggiormente isolati nel totale delle infezioni umane sono risultati i seguenti: *S. Enteritidis* (54.6%), *S. Typhimurium* (12.1%), *S. Typhimurium* monofasica (1,4,[5],12:i:-) (10.4%), *S. Infantis* (2.3%), *S. Newport* (1.1%) e *S. Derby* (1.1%).

Nel 2022, complessivamente, sono stati segnalati da 25 SM e da 1 Stato non-membro (Irlanda del Nord) 1'014 focolai di salmonellosi umana di origine alimentare, che hanno condotto a 6'632 casi di malattia, 1'406 ricoveri e 8 decessi.

I veicoli alimentari più comunemente associati ai focolai "a forte evidenza" di salmonellosi di origine alimentare sono stati: "uova e i prodotti da uova" (86 focolai), "alimenti misti" (24 focolai), "carne suina e suoi derivati" (18 focolai), "dolciumi e cioccolata" (12 focolai) e "prodotti da forno" (11 focolai).

Salmonella spp. negli alimenti

Nel 2022 in 25 SM sono state prelevate complessivamente 99'341 unità campionarie da alimenti RTE, con una percentuale di positività a *Salmonella* molto bassa (0.16%). Nella categoria RTE i tassi maggiori di positività sono stati riscontrati nei campioni di "carne e prodotti a base di carne di pollo" (1.4%) e di "spezie ed erbe" (1.1%). Per quel che concerne la categoria degli alimenti "non pronti al consumo", in 28 SM sono state prelevate 521.917 unità campionarie, con una percentuale di positività a *Salmonella* del 2.1%; in particolare i tassi di positività più alti sono stati registrati nei campioni di "carne e prodotti a base di carne di pollo" (5.1%), e di "carne e prodotti a base di carne di tacchino" (3.3%).

Il campionamento per la verifica della conformità ai criteri di igiene di processo nei macelli, svolto dalle Autorità Competenti secondo il Regolamento (CE) 2073/2005, ha rilevato le percentuali di positività più alte nei campioni provenienti da tacchini (14%), polli (11.8%), suini (2.7%), bovini (0.96%) e pecore (0.75%).

Salmonella spp. negli animali

Nel 2022, all'interno del contesto dei programmi di controllo di *Salmonella*, 19 SM e il Regno Unito (Irlanda del Nord) hanno raggiunto gli obiettivi di riduzione per le specie avicole, evento che rappresenta un miglioramento rispetto agli anni precedenti. Tali obiettivi di riduzione non sono stati centrati, invece, da 4 SM per le galline ovaiole, da 4 SM per i riproduttori della specie *Gallus gallus* e da uno SM per i tacchini da ingrasso, mentre per i polli e tacchini riproduttori tutti gli SM hanno raggiunto tali obiettivi.

In riferimento ai piani di controllo della *Salmonella* 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.

All'interno degli allevamenti avicoli dell'UE non sono state registrate significative variazioni di prevalenza negli anni, considerando sia *Salmonella* spp. che i sierotipi rilevanti. La sola eccezione è rappresentata dall'aumento

significativo della prevalenza stimata di *Salmonella* spp. negli allevamenti di tacchini riproduttori nel 2022, soprattutto rispetto al 2016, anno in cui è stato raggiunto il valore più basso di prevalenza durante l'intero periodo (2010-2022).

S. Enteritidis è stato il sierotipo maggiormente segnalato nelle popolazioni di galline ovaiole e il secondo più diffuso negli allevamenti di broiler. *S. Infantis* è stato il sierotipo di gran lunga più isolato nei broiler ed è stato classificato all'interno della top-4 dei sierotipi più diffusi, considerando tutte le fonti di origine alimentare e animale. Tra i sierotipi più comuni provenienti da campioni di suini ritroviamo *S. Typhimurium* variante monofasica e *S. Typhimurium*. Quest'ultima, in particolare, è stata quella maggiormente segnalata nella specie bovina, insieme a *S. Dublin*.

Salmonella in the EU, 2022

Human cases

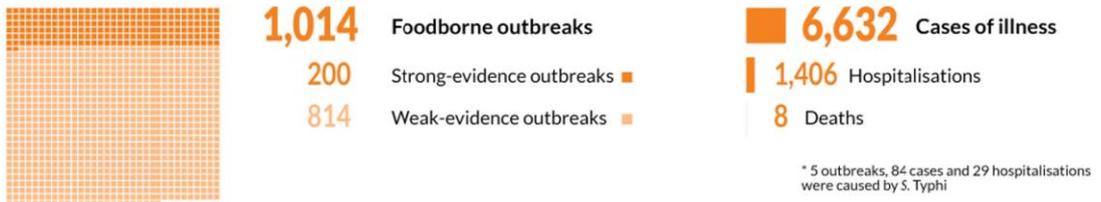
Notification rate
(per 100,000 population)

15.3

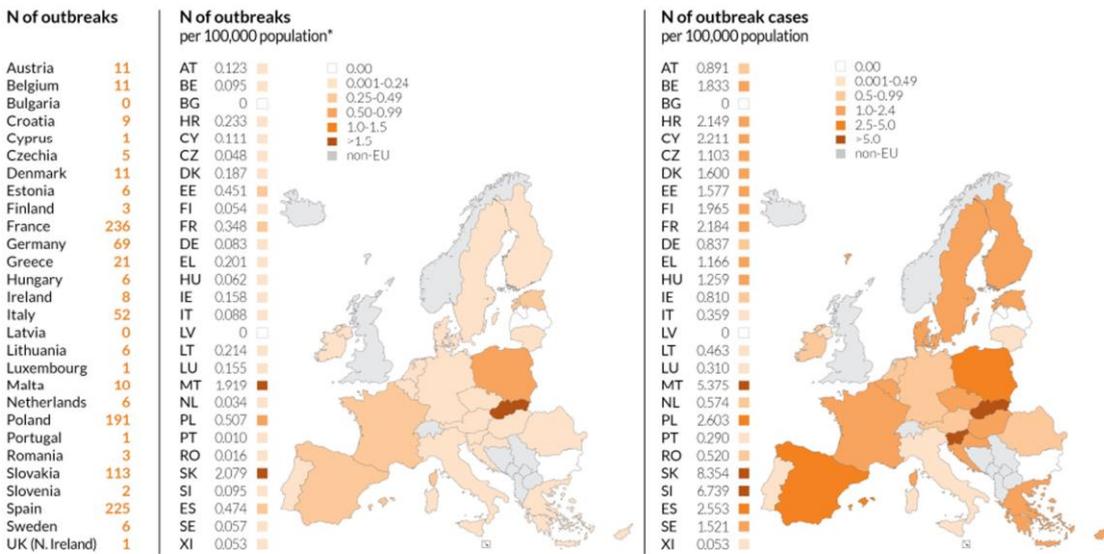
Trend
(2018-2022)



Foodborne outbreaks and related cases*



Implicated food vehicles (Strong-evidence 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. EFSA data

Figura 2: Salmonella nell'UE nel 2022 (fonte: The European Union One Health 2022 Zoonoses Report)

Listeria monocytogenes in Europa nel 2022

Listeria monocytogenes nell'uomo

Nel 2022 27 SM hanno confermato all'ECDC 2'738 casi invasivi umani di infezione da *Listeria monocytogenes*. Questi casi hanno condotto a 1330 ricoveri e a 286 decessi nell'UE. La listeriosi è stata la quinta zoonosi più comune in UE e rappresenta una delle più gravi malattie infettive di origine alimentare sottoposte a sorveglianza nell'Unione.

Il tasso di notifica all'UE è stato di 0.62 casi ogni 100'000 abitanti, in aumento del 15.9% rispetto al 2021 (0.53 casi ogni 100'000 abitanti), che rappresenta quello più alto mai registrato dal 2007. Complessivamente, l'andamento della malattia in UE durante il periodo 2018-2022 non ha evidenziato incrementi o flessioni statisticamente significativi.

Il tasso di letalità in UE è stato elevato (18.1%), maggiore di quelli registrati nel 2021 e nel 2020 (rispettivamente 13.7% e 13%).

Nel 2022 in UE sono stati registrati 35 focolai di listeriosi di origine alimentare (17 "a forte evidenza" e 18 "a debole evidenza"), i quali hanno coinvolto 11 SM e hanno causato 296 casi di malattia, 242 ricoveri e 28 decessi. I veicoli alimentari di infezione maggiormente implicati nei focolai "a forte evidenza" sono stati: "carne di suino e suoi derivati" (5 focolai), "pesce e prodotti della pesca" (4 focolai), "cibi misti" (3 focolai), "verdure, succhi e loro derivati" (2 focolai) e "latticini diversi dai formaggi" (2 focolai).

Listeria monocytogenes negli alimenti

Nel 2022, nei siti di produzione e distribuzione, 26 SM hanno testato 312'849 campioni di diverse categorie di alimenti RTE per *L. monocytogenes*. Alla distribuzione, la percentuale di unità campionarie, testate da parte delle Autorità Competente secondo i criteri di sicurezza alimentare per *L. monocytogenes* previsti dal Regolamento (CE) 2073/2005, è rimasta molto bassa (<0.1%, 0.1%-1%) in 9 delle 10 categorie di alimenti RTE attenzionate. Le prevalenze più alte alla distribuzione sono state osservate nella categoria "pesce" (2.3%). Nel medesimo contesto, alla produzione, la percentuale di singoli campioni positivi a *L. monocytogenes* è stata più alta di quella dei campioni prelevati alla distribuzione per tutte le categorie di alimenti RTE, eccezion fatta per il "latte", all'interno del quale *L. monocytogenes* non è mai stata identificata né alla produzione né alla distribuzione. Durante la fase di produzione le percentuali di positività più alte sono state rilevate nel "pesce" (2.6%) nei "prodotti della pesca" (2.5%), nei "prodotti a base di carne diversi dagli insaccati fermentati" (2.5%). La presenza di *L. monocytogenes* fornisce un'indicazione sul tasso di contaminazione ragionevolmente prevedibile nelle categorie di alimenti RTE. I risultati variano a seconda delle categorie di alimenti RTE, della fase di campionamento, dal numero di unità campionarie testate e dal numero di Paesi che hanno fornito i dati. Tendenzialmente i dati complessivi di positività sono rimasti molto bassi (<0.1%) o bassi (0.1%-1%) per tutte le categorie di alimenti. I valori complessivi di positività più alti (compresi tra il 2% e il 7%) sono stati segnalati nelle categorie "pesce e prodotti della pesca", "prodotti a base di carne di bovino e suino", "frutta e verdura" e "formaggi ovini".

Listeria monocytogenes negli animali

Nella fase di produzione primaria, la percentuale di unità campionarie positive è risultata molto bassa nei suini (0.35%) e nei bovini (1.2%), le specie animali principalmente campionate nell'UE. Il basso numero di SM che hanno fornito i dati riflette l'assenza di requisiti normativi obbligatori per l'armonizzazione del campionamento e della raccolta dati alla produzione primaria.

Listeria in the EU, 2022

Human cases

Notification rate (per 100,000 population) **0.62**

Trend (2018-2022) **—**
↑ Increasing
 ↓ Decreasing
 — Stable

2,738 Cases of illness

1,778 Infections acquired in the EU

12 Infections acquired outside the EU

948 Unknown travel status or unknown country of infection

1,330 Hospitalisations

286 Deaths

■ ECDC data

Foodborne outbreaks and related cases

35 Foodborne outbreaks

17 Strong-evidence outbreaks ■

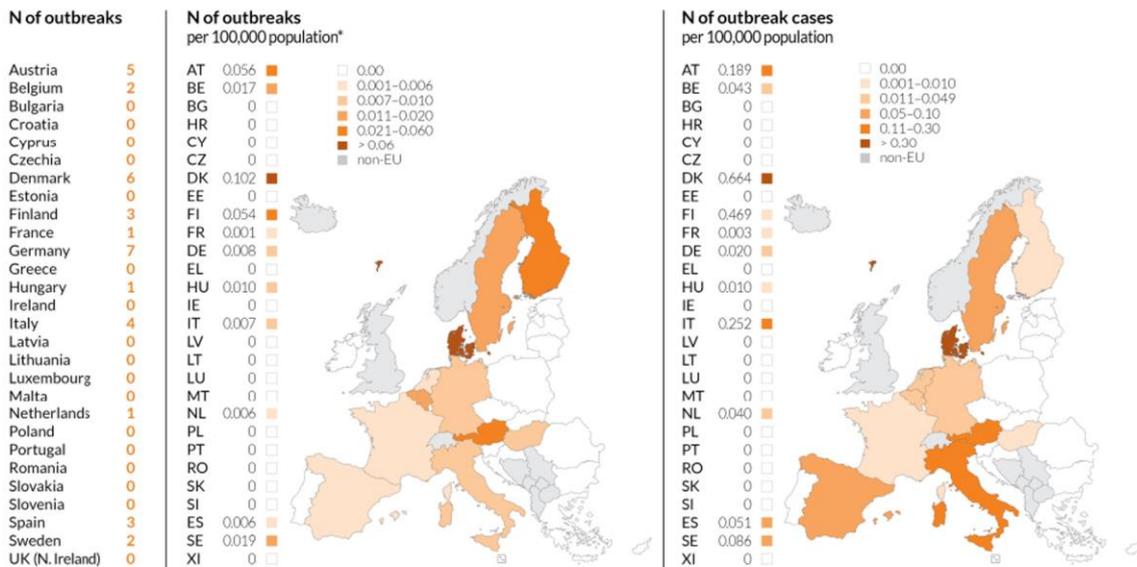
18 Weak-evidence outbreaks ■

296 Cases of illness

242 Hospitalisations

28 Deaths

Implicated food vehicles (Strong-evidence 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.

■ EFSA data

Figura 3: *Listeria monocytogenes* nell'UE nel 2022 (fonte: The European Union One Health 2022 Zoonoses Report)

Escherichia coli produttori di Shiga-tossine (STEC) in Europa nel 2022

Escherichia coli STEC nell'uomo

Nel 2022 sono stati confermati 7'117 casi di infezione da *E. coli* 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 2022 è stato di 2.1 casi ogni 100'000 abitanti, in aumento dell'8.8% rispetto al dato del 2021 (1.9 casi ogni 100'000 abitanti). Complessivamente il trend di infezioni da STEC non ha mostrato incrementi o contrazioni significativi nel periodo 2018-2022.

Nel 2022 *E. coli* STEC è stato responsabile di 71 focolai di origine alimentare, che hanno condotto a 408 casi di malattia, 63 ricoveri e un decesso. La fonte dell'unico focolaio "a forte evidenza" è stata la "carne bovina e suoi derivati".

Escherichia coli STEC negli alimenti

Nel 2022, complessivamente, STEC è stato identificato in 347 unità campionarie su un totale di 18'815, in particolare le positività più alte sono state registrate nella "carne fresca ovina" (6.1%) e in "altre carni fresche" (7.6%).

Nel 2022 15 SM hanno testato 8.556 campioni di alimenti RTE, confermando una positività a STEC dell'1.1%, di cui l'1.7% di campioni positivi appartenenti alla categoria "latte e prodotti a base di latte", l'1.1% alla categoria "carne e prodotti a base di carne" e lo 0.14% alla categoria "frutta, verdura e succhi".

Considerando le 10.259 unità campionarie testate da alimenti non-RTE in 18 SM, il 2.5% di esse è risultata positiva a STEC, con il livello di contaminazione più alto (3.3%) riscontrato nella categoria "carne e prodotti a base di carne".

I "semi germogliati" sono stati testati da 9 SM nel contesto del Regolamento (CE) 2073/2005, con nessuna positività a STEC in 472 campioni ufficiali.

Escherichia coli STEC negli animali

Nel 2022 STEC è stato identificato in 5 differenti specie animali da parte di 4 SM. La maggior parte dei campioni testati in UE (N=1.916) proveniva da "ovini e caprini" (N=1300), di cui l'1.3% sono risultati positivi. Positività a STEC sono state riscontrate anche in campioni provenienti da bovini (41.5%), altri ruminanti (6.7%) e altri animali (0.81%), mentre non ne sono state segnalate nella specie suina.

Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) in the EU, 2022

Human cases

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

Trend (2018-2022) **—** Increasing
Decreasing
Stable

7,117 Cases of illness

5,011 Infections acquired in the EU

1,130 Hospitalisations

525 Infections acquired outside the EU

28 Deaths

1,581 Unknown travel status or unknown country of infection

■ ECDC data

Foodborne outbreaks and related cases

71 Foodborne outbreaks

408 Cases of illness

1 Strong-evidence outbreak

63 Hospitalisations

70 Weak-evidence outbreaks

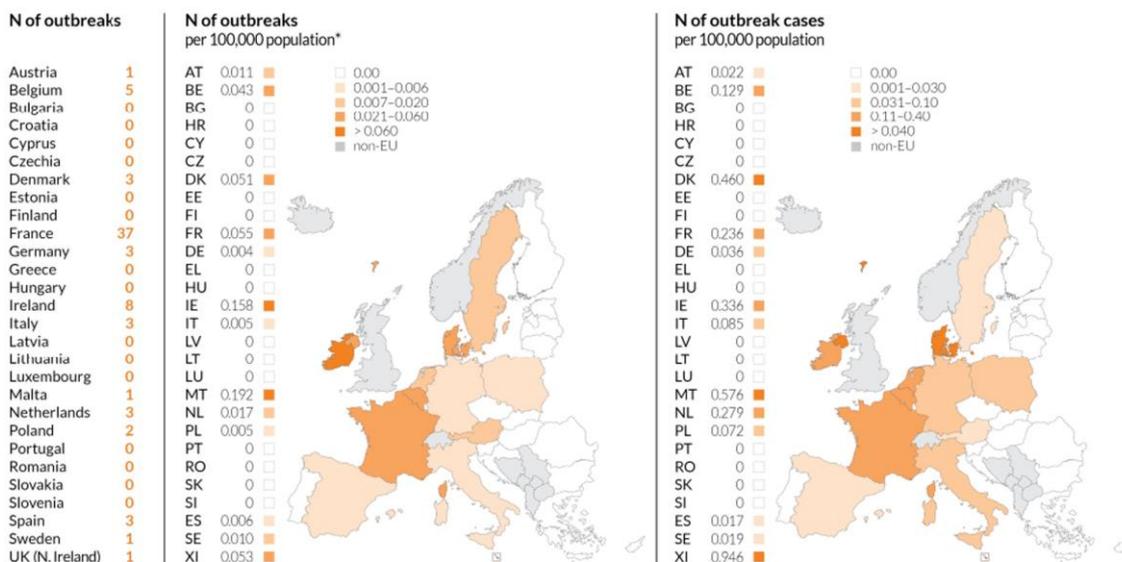
1 Death

Implicated food vehicles (Strong-evidence outbreaks)

Top food vehicles



Bovine meat and products thereof
1 Outbreak



* 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.

■ EFSA data

Figura 4: *Escherichia coli* STEC nell'UE nel 2022 (fonte: The European Union One Health 2022 Zoonoses Report)

Yersinia in Europa nel 2022

Yersinia nell'uomo

La yersinosi è la terza zoonosi più frequentemente segnalata nell'uomo in UE. Nel 2022 sono stati confermati 7'919 casi di yersinosi umana, con un tasso di notifica all'UE di 2.2 casi ogni 100'000 abitanti, in aumento del 16.3% rispetto al tasso registrato nel 2021 (1.8 casi ogni 100'000 abitanti). L'andamento complessivo nel periodo 2018-2022 non ha, tuttavia, evidenziato aumenti o diminuzioni statisticamente significativi. Nel 2022 *Yersinia enterocolitica* è stata la specie segnalata nella maggioranza delle infezioni umane (98.7%), mentre *Y. pseudotuberculosis* è stata notificata solo nell'1.3% dei casi umani per i quali era disponibile l'informazione sull'identificazione di specie.

Nel 2022 7 SM hanno segnalato 14 focolai di yersinosi di origine alimentare, che hanno condotto a 96 casi di malattia, 4 ricoveri e nessun decesso. Non sono stati registrati focolai a "forte evidenza".

Yersinia negli alimenti

Nel 2022 nessuno dei 328 dei campioni testati da 4 SM per *Yersinia* da alimenti RTE è risultato positivo.

Per quanto concerne gli alimenti non-RTE, 3 SM hanno fornito i risultati su 404 unità campionarie: 14 unità campionarie sono risultate positive (3.5%), tutte appartenenti alla categoria "carne e prodotti a base di carne". Per la categoria "carne fresca" su 166 unità campionarie sono state registrate 12 positività (7.2%); in particolare *Yersinia* è stata isolata in 10 campioni di "carne fresca di suino" (7.8%) e in 2 campioni di "altre carni fresche" (5.3%).

Yersinia negli animali

Nel 2022 5 SM e uno Stato non-membro hanno identificato *Yersinia* in 8 specie differenti di animali su un totale di più di 30 specie. La maggioranza dei campioni testati (15'764 in totale) sono stati prelevati da bovini, di questi ultimi 0.34% positivi a *Y. enterocolitica* e 0.32% positivi a *Y. pseudotuberculosis*. Le percentuali di campioni positivi provenienti da piccoli ruminanti, suini e animali da compagnia sono state rispettivamente lo 0.5%, lo 0.2% e lo 0.1% per *Y. enterocolitica* e lo 0.29%, lo 0.0% e lo 0.31% per *Y. pseudotuberculosis*.

Yersinia in the EU, 2022

Human cases

Notification rate (per 100,000 population) **2.2**

Trend (2018-2022) **—**
 ↑ Increasing
 ↓ Decreasing
 — Stable

7,919 Cases of illness

3,954 Infections acquired in the EU

636 Hospitalisations

81 Infections acquired outside the EU

3,884 Unknown travel status or unknown country of infection

ECDC data

Foodborne outbreaks and related cases

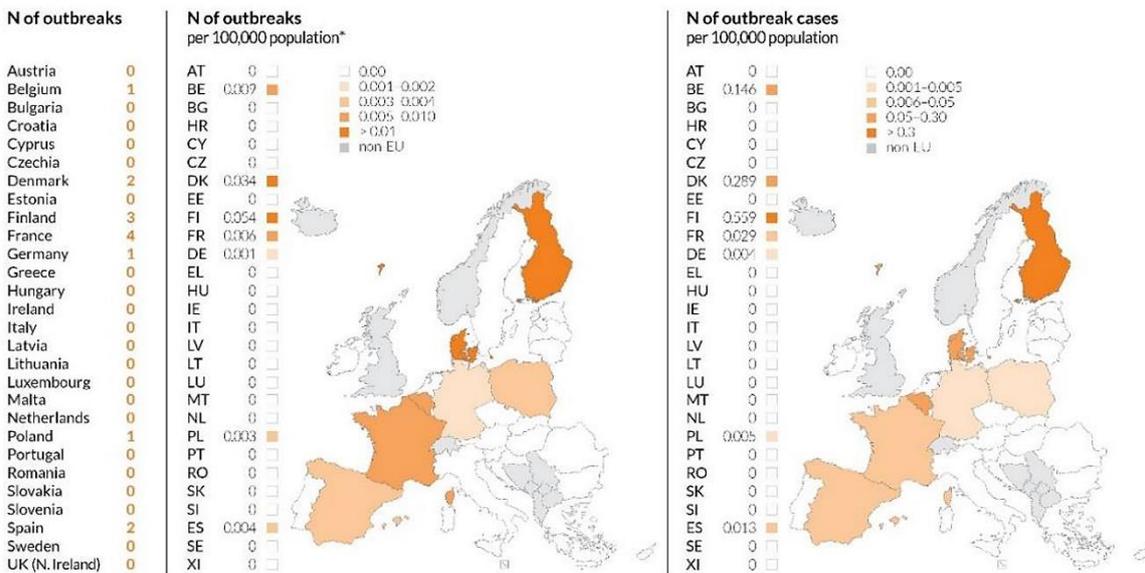
14 Foodborne outbreaks

0 Strong-evidence outbreaks

14 Weak-evidence outbreaks

96 Cases of illness

4 Hospitalisations



* 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.

EFSA data

Figura 5: Yersinia nell'UE nel 2022 (fonte: The European Union One Health 2022 Zoonoses Report)

PRODUZIONE SCIENTIFICA ANNO 2023

1: Magagna G, Gori M, Russini V, De Angelis V, Spinelli E, Filipello V, Tranquillo VM, De Marchis ML, Bossù T, Fappani C, Tanzi E, Finazzi G. Evaluation of the Virulence Potential of *Listeria monocytogenes* through the Characterization of the Truncated Forms of Internalin A. *Int J Mol Sci*. 2023 Jun 14;24(12):10141. doi: 10.3390/ijms241210141.

2: Knijn A, Michelacci V, Gigliucci F, Tozzoli R, Chiani P, Minelli F, Scavia G, Ventola E, Morabito S; National Listeriosis Surveillance Working Group; IRIDA-ARIES User Group STEC; IRIDA-ARIES User Group Listeriosis; Italian Registry of Hemolytic Uremic Syndrome; European Union Reference Laboratory for *Escherichia coli*. IRIDA-ARIES Genomics, a key player in the One Health surveillance of diseases caused by infectious agents in Italy. *Front Public Health*. 2023 May 30;11:1151568. doi: 10.3389/fpubh.2023.1151568. Erratum in: *Front Public Health*. 2023 Sep 05;11:1276201. doi: 10.3389/fpubh.2023.1276201.

3: Russini V, Giancola ML, Brunetti G, Calbi C, Anzivino E, Nisii C, Scaramella L, Dionisi AM, Faraglia F, Selleri M, Villa L, Lovari S, De Marchis ML, Bossù T, Vairo F, Pagnanelli A, Nicastri E. *A Cholera Case Imported from Bangladesh to Italy: Clinico-Epidemiological Management and Molecular Characterization in a Non-Endemic Country*. *Trop Med Infect Dis*. 2023 May 6;8(5):266. doi: 10.3390/tropicalmed8050266.

4: Bertelloni F, Bresciani F, Cagnoli G, Scotti B, Lazzerini L, Marcucci M, Colombani G, Bilei S, Bossù T, De Marchis ML, Ebanì VV. *House Flies (Musca domestica) from Swine and Poultry Farms Carrying Antimicrobial Resistant Enterobacteriaceae and Salmonella*. *Vet Sci*. 2023 Feb 4;10(2):118. doi: 10.3390/vetsci10020118. PMID: 36851422; PMCID: PMC9968028.