

QUADERNI DI ZOOPROFILASSI



**REPORT DEL LABORATORIO DI
RIFERIMENTO
REGIONALE PER LE MALATTIE A
TRASMISSIONE ALIMENTARE**

QUADERNI DI ZOOFILASSI

PERIODICO DELL'ISTITUTO
ZOOFILATTICO SPERIMENTALE
DEL LAZIO E DELLA TOSCANA
M. ALEANDRI
ANNO 1
NUMERO 1
MESE DI PUBBLICAZIONE
GENNAIO 2026
REGISTRAZIONE AL TRIBUNALE DI
ROMA
N. 135/2024 DEL 24 OTTOBRE 2024

DIRETTORE RESPONSABILE
GIOVANNI BRAJON

DIRETTORE EDITORIALE
STEFANO PALOMBA

PROGETTO GRAFICO
E IMPAGINAZIONE,
COMUNICAZIONE
MARZIA NOVELLI
ALESSANDRA TARDIOLA

FOTO
ARCHIVIO UOS FORMAZIONE

Copyright 2026-2025
QUADERNI DI ZOOFILASSI
IZSLT M. ALEANDRI

Diritti riservati

Tutti i contenuti (testi e immagini) presenti nel volume sono protetti dalle leggi italiane e internazionali sul diritto d'autore.

È vietata la riproduzione, parziale o totale, senza autorizzazione scritta.

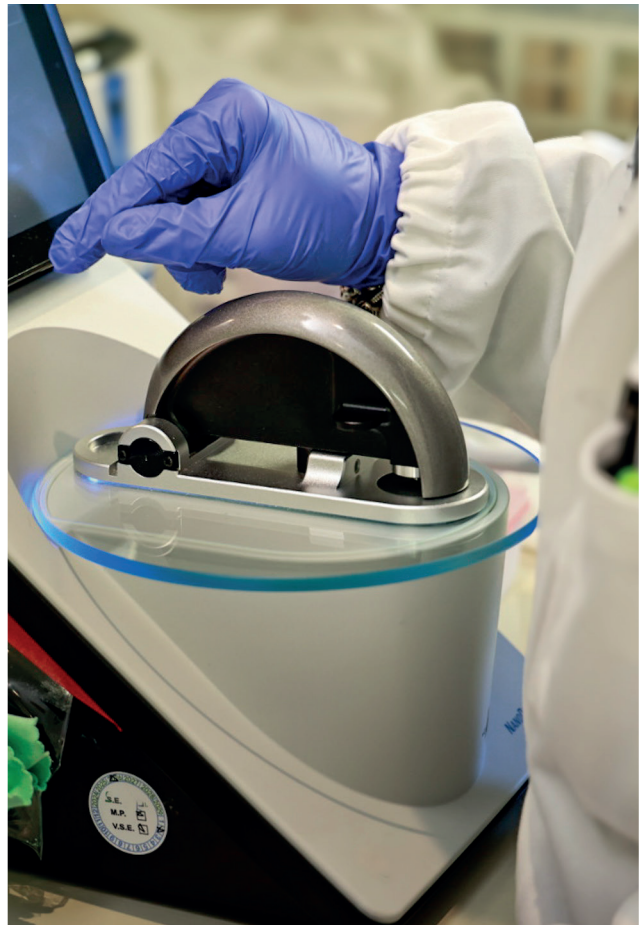
AUTORI

MARIA LAURA DE MARCHIS
ANDREA FRANCESCO DE BENE
VALERIA RUSSINI, ROBERTO
CONDOLEO, PAOLA DE SANTIS
SARAH LOVARI, TATIANA
BOGDANOVA, TERESA BOSSÙ



Sommario

Il Laboratorio di riferimento Regionale per le Malattie a Trasmissione Alimentare (LRMTA)	5
Casi di MTA notificati al LRMTA ed indagini analitiche svolte presso l'Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Lazio e della Toscana "M. Aleandri" nell'anno 2024	6
Casi con conferma diagnostica e caratterizzazione dell'isolato batterico di origine umana presso il CREP e il LRPTAU	9
Indagine ID 34: caso di sospetta infezione nosocomiale da <i>L. monocytogenes</i> ST 155 (cluster 390 di IRIDA Aries)	10
Indagine ID 47: caso di sospetta infezione nosocomiale da <i>L. monocytogenes</i> ST1 (cluster 350 di IRIDA Aries)	11
Discussione dei risultati ottenuti	13
Ringraziamenti	16
Riferimenti bibliografici	17



Il Laboratorio di riferimento Regionale per le Malattie a Trasmissione Alimentare (LRMTA)

Il Laboratorio di riferimento Regionale per le Malattie a Trasmissione Alimentare (LRMTA) è stato formalmente riconosciuto con la Determinazione Regionale n. Go6447 del 28 maggio 2021 presso l'Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Lazio e della Toscana "M. Aleandri". Il LRMTA afferisce alla Unità Operativa Complessa "Microbiologia degli Alimenti" dell'IZSLT e svolge le seguenti attività:

- Fornisce supporto alle ASL in fase di organizzazione dei prelievi dei campioni alimentari e ambientali in caso di indagini per le Malattie Trasmesse da Alimenti (MTA)
- Esercita una funzione di raccordo tra le varie articolazioni dei Servizi coinvolti durante la raccolta delle informazioni nel corso di indagini per MTA
- Si interfaccia con i Laboratori di Microbiologia degli Alimenti della Sede Centrale e delle Unità Operative Territoriali (UOT) dell'IZSLT per il recupero degli esiti relativi alle prove svolte sui campioni prelevati nell'ambito delle indagini per MTA
- Esegue, in collaborazione con i laboratori di "Biotecnologie applicate agli alimenti" e di "Diagnostica molecolare in sicurezza alimentare", prove di tipizzazione molecolare, sequenziamento dell'intero genoma in NGS ed analisi bioinformatiche a partire dai dati di sequenza genomica degli isolati di origine alimentare, ambientale e umana raccolti dal Centro di riferimento Regionale per gli Enterobatteri patogeni (CREP) e dal Laboratorio di riferimento Regionale per i Patogeni a Trasmissione Alimentare di origine Umana (LRPTAU), per la verifica di appartenenza a focolai epidemici e per l'identificazione delle fonti di contaminazione alimentare e ambientale
- Trasmette le rendicontazioni delle indagini svolte alle seguenti Istituzioni:
 - SERESMI (Servizio Regionale per l'Epidemiologia, Sorveglianza e controllo delle Malattie Infettive)
 - Regione Lazio (Area Promozione della Salute e Prevenzione-Direzione Regionale Salute e Integrazione Sociosanitaria)
 - Ministero della Salute (Direzione generale per l'igiene e la sicurezza degli alimenti e la nutrizione-DGISAN)
 - Strutture sanitarie e ASL coinvolte
- Gestisce i rapporti con l'Istituto Superiore di Sanità (ISS) per garantire i livelli nazionali ed internazionali della sorveglianza delle MTA
- Partecipa al Gruppo Regionale per la gestione delle MTA (Atto di organizzazione Regionale n. G12436 del 12 ottobre 2021)

Casi di MTA notificati al LRMTA ed indagini analitiche svolte presso l'Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Lazio e della Toscana "M. Aleandri" nell'anno 2024

Nel corso dell'anno 2024 sono stati collezionati dati relativi a 49 indagini per MTA con un incremento del 32,4% rispetto al 2023 (37 indagini per MTA condotte nel 2023).

In 29 dei 49 casi, l'indagine è stata svolta su segnalazione alle Autorità Sanitarie Locali di casi con diagnosi clinica di MTA o su sospetto diagnostico (11 indagini per casi di listeriosi, 7 indagini per casi di epatite A, 6 indagini per casi di salmonellosi, 4 indagini per casi di botulismo e 1 indagine per infezione da Norovirus). Per 20 indagini il LRMTA non ha collezionato dati relativi ad uno specifico sospetto diagnostico.

Nel 2024 sono state condotte 3 indagini legate a sospette infezioni nosocomiali da *L. monocytogenes* presso le cucine di due strutture ospedaliere di Roma (ID 34 e 47) (vedi dettagli nei paragrafi successivi) e di un ospedale della provincia di Roma servito da un centro cottura esterno (ID 42).

Complessivamente sono stati effettuati dalle Autorità Competenti (AC) 67 campionamenti, di cui: 11 presso abitazioni private (o di campioni reperto conferiti da privati cittadini), 18 presso punti pubblici di ristoro (14 ristoranti, 2 pub e 2 tavole calde), 11 presso punti di ristoro ad accesso limitato e servizi ad essi correlati (4 mense di caserme, 3 mense ospedaliere, 2 hotel, 1 centro di cottura e 1 istituto religioso), 25 presso punti vendita al dettaglio (18 supermercati, 3 pasticcerie, 2 gelaterie, 1 pescheria, 1 frutteria ed 1 farmacia), 2 alla produzione (1 caseificio e 1 salumificio).

Sono stati analizzati in totale 231 campioni, con un aumento del 67,4% rispetto all'anno precedente (138 campioni analizzati nel 2023) (Grafico 1).

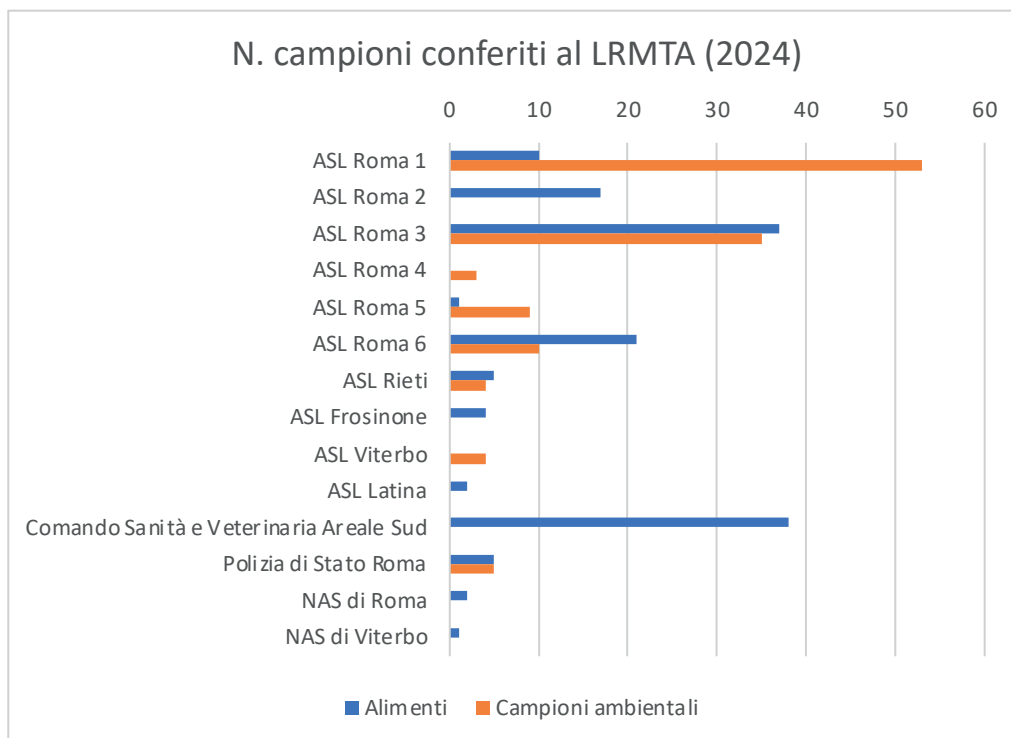


Grafico 1. Numero di campioni conferiti al LRMTA nell'anno 2024 suddiviso per tipologia e per conferente

Sono stati analizzati complessivamente 231 campioni di cui 108 alimentari (46,7%) e 123 ambientali (53,3%). Tra i 108 campioni alimentari, 52 (48,1%) corrispondevano al residuo di alimenti sospetti consumati dai pazienti (reperto prelevato presso l'abitazione privata o pasto test della mensa) e 80 (74,1%) appartenevano alla categoria degli alimenti "ready to eat" (RTE).

Complessivamente sono state riscontrate 4 positività (3,3%) tra i campioni ambientali, di cui 3 per *L. monocytogenes*, in riferimento alle indagini ID 19 e 47, e 1 per la presenza di Enterobatteriacee (4.60×10^1 ufc/cm²) in riferimento all'indagine ID 36 (cfr. Allegato 1).

Per quanto riguarda la categoria dei campioni alimentari, 37 campioni (34,2% del totale) sono risultati positivi per la presenza di patogeni alimentari o per microrganismi indicatori di una scarsa condizione igiene di processo o di conservazione. In particolare, è stata riscontrata la presenza di *L. monocytogenes* in 1 campione di insalata iceberg in confezione integra (ID 6) e in 1 campione di filetto di orata con patate, olive, capperi e pomodorini in confezione integra (ID 7). Tre campioni a base di carne sono risultati positivi per la presenza (confermata o presuntiva) di *E. coli* STEC: un campione di hamburger di manzo (ID 1), un campione di arrosticini di ovino adulto e un campione di salsiccia macinata di suino (entrambi campionati nell'ambito dell'indagine ID 16).

Nel corso dell'indagine ID 16 sono stati prelevati due campioni di carne risultati positivi per la presenza di *Salmonella* spp. In particolare nel campione di salsiccia macinata di suino è stata riscontrata la presenza di due differenti ceppi di *Salmonella* (*S. Derby* e *S. Typhimurium* monofasica). Nel campione di girello di bovino adulto è stata rilevata la presenza di *S. Typhimurium* monofasica.

Nell'ambito dell'indagine ID 1 è stato campionato anche un campione di torta millefoglie risultato positivo ad una elevata carica di Enterobatteriacee ($1,8 \times 10^4$ ufc/g) e alla presenza di *Bacillus cereus* ($2,8 \times 10^3$ ufc/g). Il medesimo patogeno, sebbene in quantitativi più bassi, è stato rilevato in altri 3 campioni: 1 campione di salsa piccante (ID 21), 1 campione di mozzarella e 1 campione di salsa (ID 36). Quest'ultimo è risultato anche positivo per la presenza di *Clostridium perfringens* (1×10^3 ufc/g). Nel corso dell'indagine ID 36 sono stati prelevati anche dei campioni alimentari con un'elevata carica di Enterobatteriacee: un campione di mozzarella (5×10^4 ufc/g) e un campione di pasta fredda (8×10^4 ufc/g). Anche un campione di salsa allo Yogurt destinata alla produzione di kebab, prelevato presso una tavola calda, ha mostrato cariche di Enterobatteriacee comprese tra 1×10^1 e 1×10^3 ufc/g (ID 21).

Numerosi pasti test prelevati nell'ambito delle indagini ID 9 e ID 49, entrambe condotte presso le mense di due caserme militari, sono stati rilevati elevati livelli di carica mesofila totale (CMT) con valori compresi tra 1×10^3 ufc/g e $3,2 \times 10^6$ ufc/g.

Si segnala un'elevata CMT anche in diversi campioni di latte UHT prelevato dai NAS di Roma sia presso l'abitazione di un privato cittadino che alla vendita ($> 3 \times 10^5$ ufc/ml).

Nell'ambito dell'indagine ID 32 sono stati campionati degli spiedini di calamari patagonici e gamberi argentini congelati nei quali è stata riscontrata la presenza di stafilococchi coagulasi positivi a basse cariche. I campioni sono risultati negativi per la presenza di enterotossine stafilococciche A, B, C, D ed E.

Un campione di ostriche prelevate alla distribuzione presso un supermercato è risultato positivo per la presenza di Norovirus appartenente al genotipo GII (ID 3).

Infine, un panino farcito con porchetta è risultato positivo per la presenza di larve al III stadio di insetti dell'ordine Diptera, famiglia Calliphoridae, genere *Lucilia* (ID 25).

Categoria prodotto	Negativo	Positivo	Patogeno/tossina/indicatore di igiene di processo	Totale	RTE
Campione ambientale	119	4	L. monocytogenes (3)	123	n.a.
			Enterobatteriacee (1)		
Carne fresca, preparazioni e prodotti a base di carne	22	9	Escherichia coli STEC (2)	31	22
			Salmonella (2)		
			Carica mesofila totale (5)		
Frutta e verdura	6	6	L. monocytogenes (1)	12	11
			Carica mesofila totale (5)		
Latte e derivati	15	6	Carica mesofila totale (4)	21	19
			Enterobatteriacee (1)		
			Bacillus cereus (1)		
Pesce e prodotti ittici	16	4	Norovirus (1)	20	8
			L. monocytogenes (1)		
			Stafilococchi coagulasi positivi (1)		
			Carica mesofila totale (1)		
Uova e prodotti a base di uova	1	0	-	1	1
Prodotti da forno e pasticceria	1	2	Enterobatteriacee (1)	3	2
			Bacillus cereus (1)		
Misto	14	6	Carica mesofila totale (3)	20	17
			Enterobatteriacee (1)		
			Larve (1)		
			Clostridium perfringens (1)		
Totale	194	37		231	80

Tabella 1. Numero di campioni analizzati nel corso delle 49 indagini per MTA eseguite nell'anno 2024, ripartiti per categoria d'appartenenza ed esiti analitici.



Casi con conferma diagnostica e caratterizzazione dell'isolato batterico di origine umana presso il CREP e il LRPTAU

Per quanto riguarda i casi di salmonellosi correlati alle 6 indagini descritte nel presente report, il CREP ha ricevuto e tipizzato 5 isolati batterici di Salmonella di origine umana in relazione a 4 indagini:

- ID 31: un isolato di *S. Typhimurium* monofasica ricevuto dall'Ospedale Bambino Gesù (RM);
- ID 41: un isolato di *S. Enteritidis* ricevuto dall'Azienda Ospedaliera San Giovanni Addolorata (RM);
- ID 45: due isolati di *S. Typhimurium* ricevuti dal Policlinico Gemelli (RM);
- ID 46: un isolato di *S. Enteritidis* ricevuto dal laboratorio privato Sylnab Lazio S.R.L (RM).

Per i casi relativi alle indagini ID 37 (condotta dalla ASL di Viterbo) e ID 38 (condotta dalla ASL di Frosinone), non è stato possibile recuperare l'isolato di origine umana.

Per le 11 indagini per casi di listeriosi, il LRPTAU ha recuperato e tipizzato tutti gli isolati di origine umana, in particolare:

- ID 4: un isolato relativo ad un caso di listeriosi correlata a gravidanza ricevuto dall'Ospedale Sant'Eugenio (RM) appartenente al sierogruppo IVb, Sequence type 2 (Cluster 211 di IRIDA Aries);
- ID 6: un isolato ricevuto dall'Ospedale Bambino Gesù (RM) appartenente al sierogruppo IVb, Sequence type 2 (Cluster 199 di IRIDA Aries). L'indagine ha previsto il campionamento di pasti presso un pub. Un campione di insalata iceberg è risultato positivo per la presenza di *Listeria monocytogenes*. Gli isolati alimentari sono risultati appartenenti al sierogruppo IIa, ST204 e quindi non rappresentano la causa dell'infezione;
- ID 7: un isolato ricevuto dall'Ospedale Grassi di Ostia di un paziente con meningite, successivamente trasferito all'INMI L. Spallanzani. Il ceppo è risultato appartenente al sierogruppo IVb, Sequence type 2 (Cluster 211 di IRIDA Aries). Un campione di filetto di orata con patate, olive, capperi e pomodori congelato, prelevato presso il supermercato frequentato dal caso, è risultato positivo per la presenza di *L. monocytogenes*. Anche in questo caso non è stato possibile correlare l'insorgenza della patologia al consumo di tale prodotto, in quanto l'isolato di origine alimentare è risultato appartenente al sierogruppo IIa, Sequence type 121;
- ID 13: un isolato ricevuto dall'Ospedale San Camillo De Lellis (RI) appartenente al sierogruppo IIb, Sequence Type 5 (Cluster 450 di IRIDA Aries);
- ID 14: un isolato ricevuto dal Policlinico Casilino (RM) di una paziente oncologica, successivamente trasferita all'INMI L. Spallanzani. Il ceppo è risultato appartenente al sierogruppo IIb, Sequence type 87;
- ID 19: un isolato ricevuto dall'Ospedale San Camillo Forlanini (RM), appartenente al sierogruppo IIa, Sequence type 210 (Cluster 232 di IRIDA Aries). In corso di indagine sono stati effettuati numerosi campionamenti ambientali presso l'abitazione della paziente e presso il supermercato frequentato da quest'ultima. La superficie di un lavamani del supermercato è risultata contaminata da *L. monocytogenes*. Gli isolati ambientali sono risultati tuttavia appartenenti al sierogruppo IIc, sequence type 9, e quindi non correlabili al caso indagato.
- ID 23: un isolato ricevuto dall'Ospedale Sant'Eugenio (RM) appartenente al sierogruppo IIa, sequence type 155 (Cluster 222 di IRIDA Aries);
- ID 42: un isolato ricevuto dal Policlinico Tor Vergata (RM) appartenente al sierogruppo IIa, Sequence type 378;
- ID 43: un isolato ricevuto dall'Ospedale San Filippo Neri (RM) appartenente al sierogruppo IIc, Sequence type 9;
- ID 34 e ID 47: vedi paragrafi successivi.

Indagine ID 34: caso di sospetta infezione nosocomiale da *L. monocytogenes* ST 155 (cluster 390 di IRIDA Aries)

Questa indagine epidemiologica è stata avviata dalla ASL Roma 4 in seguito alla diagnosi di listeriosi in un paziente ricoverato presso una struttura ospedaliera di Roma per astenia e insufficienza cardiaca in data 02/08/2024. In data 19/08 il paziente ha manifestato febbre e gli è stata diagnosticata la listeriosi. La ASL Roma 3 ha effettuato dei prelievi di alimenti sospetti (prosciutto crudo, insalata, tonno e mele) e dei campionamenti ambientali presso la mensa della sede lavorativa del caso in data 28/08, ma è risultato tutto negativo. La ASL Roma 4 ha effettuato campionamenti ambientali nel frigorifero dell'abitazione del paziente, non riscontrando neanche in questo caso alcuna positività. L'isolato di *L. monocytogenes* del paziente è risultato appartenente al sierogruppo IIa, Sequence type 155 (Cluster 390 di IRIDA Aries). Il Cluster 390 di IRIDA Aries era stato già attenzionato dall'LRMTA e dall'ISS nei mesi precedenti in quanto associato ad una serie di casi clinici di listeriosi invasiva e risultava all'epoca composto da 13 ceppi di cui: 4 isolati nella Regione Lazio (1 nel 2023 e 3 nel 2024), 1 ceppo nella Regione Lombardia nel 2023, 8 ceppi nella Regione Veneto (3 isolati nel 2023 e 5 nel 2024). In particolare gli isolati del Lazio provenivano tutti da pazienti ricoverati presso la stessa struttura ospedaliera e con un'insorgenza dei sintomi tale da presupporre un'infezione di tipo nosocomiale, contratta a seguito di esposizione al vitto ospedaliero.

Nei mesi successivi sono stati condotti approfondimenti da parte del SIAN della ASL RM1 al fine di verificare la fonte di contaminazione (vedi paragrafo successivo).

Contemporaneamente sono state condotte indagini a livello nazionale sugli isolati di *L. monocytogenes* appartenenti al ST155 di origine umana, alimentare e ambientale. È emerso che anche il caso lombardo e alcuni casi veneti avevano presentato i sintomi della listeriosi a distanza di tempo dalla data del ricovero, a supporto dell'ipotesi di infezione nosocomiale. Inoltre le mense delle diverse strutture ospedaliere, compresa quella del caso laziale, risultavano rifornite dalla medesima ditta di ristorazione, avente sede nella regione Veneto. Dopo una serie di riunioni di coordinamento e dopo un primo sopralluogo al centro cottura, sono stati organizzati dei campionamenti ambientali, con numerosità adeguata alle diverse linee produttive della ditta indagata. Di 99 campioni ambientali effettuati, 7 sono risultati positivi per *L. monocytogenes* su superfici non a contatto con gli alimenti. L'analisi comparativa con i genomi clinici, effettuata dal Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria* di Teramo, ha mostrato la correlazione tra alcuni di questi isolati ambientali e i ceppi clinici del Cluster 390, dimostrando l'origine dell'infezione.



Indagine ID 47: caso di sospetta infezione nosocomiale da *L. monocytogenes* ST1 (cluster 350 di IRIDA Aries)

Nel corso dell'anno 2023 sono pervenuti presso il LRPTAU 4 isolati di *L. monocytogenes* di origine umana dal laboratorio di microbiologia di una struttura ospedaliera di Roma appartenenti al sierogruppo IVb e al Sequence Type 1 (Cluster 350 di IRIDA Aries).

In data 05/12/2024 il SIAN della ASL RM1 ha effettuato un campionamento ambientale presso la cucina ospedaliera, adibita alla preparazione del vitto per i pazienti, in relazione al sospetto di infezione nosocomiale da *L. monocytogenes*, che ha riguardato ulteriori 5 casi ricoverati presso la medesima struttura tra la fine dell'anno 2023 e il corso dell'anno 2024 (Sierogruppo IIa, ST 155, cluster 390 di IRIDA Aries) (ID 34-vedi paragrafo precedente).

Delle 16 superfici campionate, 2 sono risultate positive per la presenza di *L. monocytogenes* (un lavandino utilizzato per il lavaggio delle verdure e uno scolapasta). Gli isolati sono risultati appartenenti al sierogruppo IVb e al Sequence Type 1.

L'analisi di core genome Multilocus Sequence Typing (cgMLST) è stata realizzata secondo lo "Schema Pasteur" che prende in considerazione le differenze alleliche calcolate su 1748 geni target. In figura è rappresentato graficamente lo schema "minimum spanning tree" relativo all'analisi di cgMLST eseguita sui quattro isolati umani ST1 dell'anno 2023 e sui 3 isolati ambientali di *Listeria monocytogenes* dell'anno 2024. Nell'analisi è stato incluso anche un isolato clinico proveniente da un paziente ricoverato presso la medesima struttura a maggio 2024, sempre appartenente al sierogruppo IVb e al ST1.

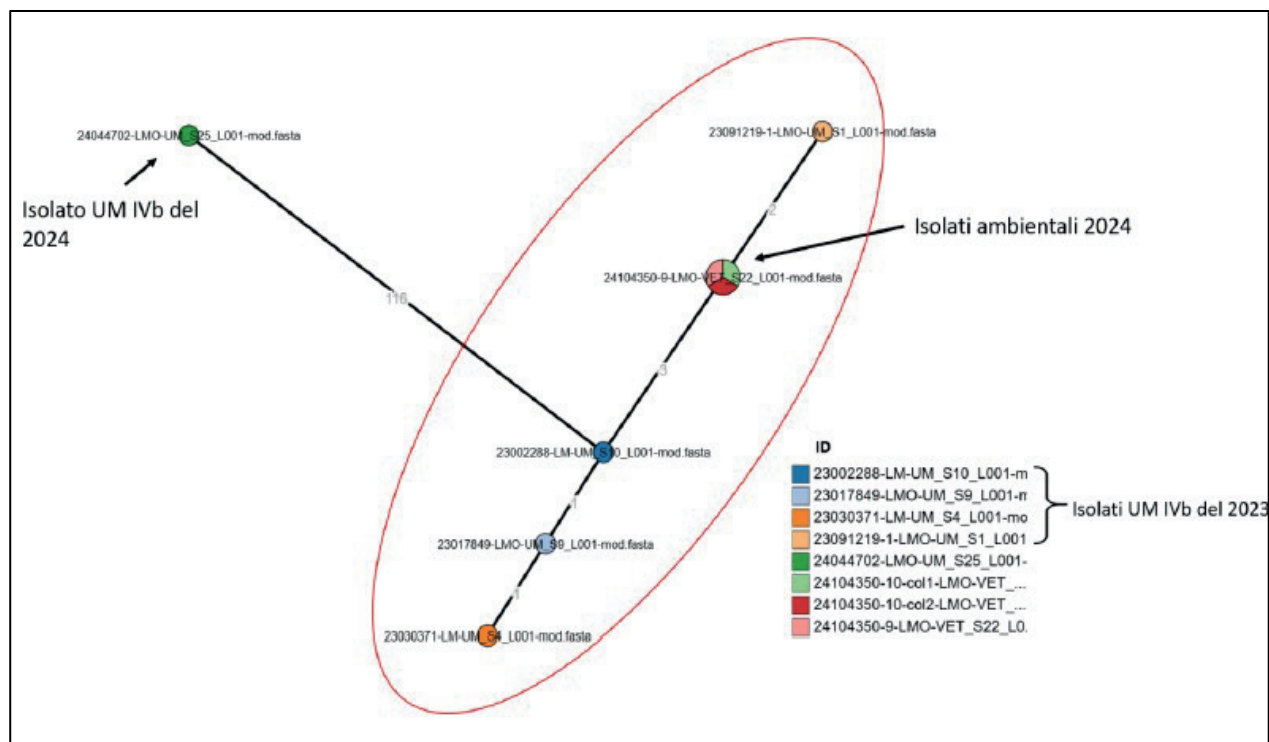


Figura 1. Rappresentazione grafica (minimum spanning tree) dell'analisi di cgMLST eseguita sugli isolati ambientali provenienti dai locali della cucina ospedaliera (n.reg. 24104350), degli isolati di origine umana (IVb ST1 Cluster 350 di IRIDA Aries, anno 2023) e dell'isolato relativo al caso del 2024 (n.reg. 24044702).

Da quest'analisi si evince l'appartenenza allo stesso cluster dei 4 isolati umani del 2023 e dei 3 isolati ambientali del 2024 (<7 distanze alleliche) a dimostrazione di una probabile infezione di origine nosocomiale per i suddetti casi. L'ultimo caso ST1 del 2024 non è riferibile al medesimo cluster (116 distanze alleliche) (Figura 1).



Discussione dei risultati ottenuti

Il presente report descrive, con approccio retrospettivo per l'anno 2024, l'esperienza del Laboratorio di riferimento Regionale per le Malattie a Trasmissione Alimentare (LRMTA), formalmente riconosciuto presso l'IZSLT dalla Regione Lazio a maggio 2021 ma già operante in quest'ambito da diversi anni, grazie alle attività condotte dal CREP e dalla UOC Microbiologia degli Alimenti afferenti al medesimo ente.

Per meglio comprendere i punti di forza e i fattori di criticità legati alla gestione delle MTA, si riportano i dati relativi al numero di indagini trattate nell'anno 2024 e nel triennio precedente (Grafico 2).

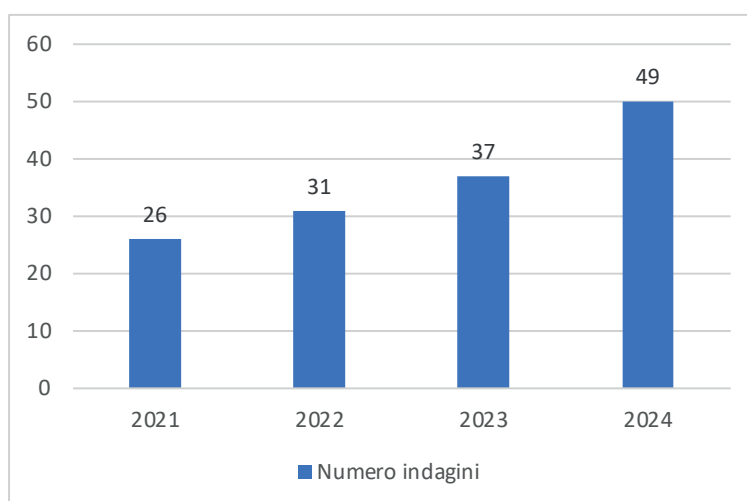


Grafico 2. Numero di indagini epidemiologiche trattate nella regione Lazio dal 2021 al 2024. Il numero indicato fa riferimento ai casi per cui sono state eseguite prove microbiologiche su campioni alimentari o ambientali pervenuti presso l'IZSLT.

Si conferma il trend positivo di aumento del numero di indagini osservato già nel 2022 e nel 2023 con un incremento del 32,4% rispetto al 2023.

Nella Tabella 2 si riepiloga il numero di ceppi isolati nella regione Lazio negli anni 2024 conferiti al CREP e al LRPTAU.

Patogeno	Numero isolati 2024
<i>Salmonella</i> spp.	450
<i>Listeria monocytogenes</i>	38
<i>Campylobacter</i> spp.	471
<i>Yersinia enterocolitica</i>	12
<i>Escherichia coli</i> STEC	2
<i>Shigella</i>	10
<i>Vibrio cholerae</i>	2

Tabella 2. Numero di isolati di origine umana conferiti al CREP/LRPTAU nel 2024 da strutture ospedaliere e laboratori privati del Lazio.

Come riportato, nonostante l'apprezzabile incremento dei casi di MTA in cui è stato coinvolto l'IZSLT a partire dall'anno di istituzione del LRMTA, risulta ancora evidente la discrepanza tra quest'ultimo e l'elevato numero di isolamenti notificati tramite i sistemi di sorveglianza di laboratorio.

Le differenze riscontrate possono essere in parte ricondotte alla non uniformità delle procedure adottate dai servizi territoriali delle ASL. Inoltre, non tutti i casi diagnosticati di MTA vengono seguiti da un'indagine epidemiologica da parte delle Autorità Competenti Locali. Un'ulteriore criticità riguarda il sistema di gestione delle notifiche, che può presentare mancanze o ritardi nella segnalazione, errori nella classificazione della patologia all'interno del sistema PREMAL, oltre a difficoltà legate all'irreperibilità o indisponibilità dei pazienti, soprattutto nei casi meno gravi gestiti dal medico di famiglia o dal pronto soccorso. Spesso, infatti, le indagini vengono avviate solo in presenza di quadri clinici particolarmente severi (ad esempio, nei casi di listeriosi) o in caso di sospetti focolai infettivi.

Le prove microbiologiche effettuate sui campioni prelevati nell'anno 2024, hanno fatto registrare una positività per la presenza di patogeni a trasmissione alimentare rispettivamente pari al 3,3% nei campioni ambientali (rispetto al 1,6% nel 2023) e al 34,2% nei campioni alimentari (rispetto all'1,8% nel 2023). Gli agenti patogeni più comunemente rilevati sono risultati *L. monocytogenes*, *Salmonella* spp., *B. cereus* e *Clostridium perfringens*. Nell'ambito delle indagini regionali condotte, considerando gli esiti delle analisi di sequenziamento e di "source attribution", la percentuale di campioni positivi effettivamente riconducibili alla fonte di contaminazione che ha causato la tossinfezione risulta molto bassa. Infatti, solo nelle due indagini per sospetto di infezioni nosocomiali (ID 34 e 47) è stato evidenziato un effettivo link genetico tra isolati ambientali ed isolati clinici.

In generale, il numero limitato di successi nella risoluzione delle indagini relative alle MTA è riconducibile a diversi fattori. Dal punto di vista clinico, l'impossibilità di individuare la fonte di contaminazione dipende spesso da un'anamnesi incompleta o generica, caratteristica delle patologie gastroenteriche, con la conseguente mancanza di informazioni utili a orientare la diagnosi e la scelta dei patogeni da indagare (ad esempio, in caso di mancata somministrazione o condivisione del questionario alimentare).

La probabilità di identificare correttamente l'agente causale aumenta quando l'intervallo tra la presunta esposizione e il campionamento da parte delle Autorità Competenti Locali è breve. Questo aspetto è condizionato sia dalla tempestività dell'intervento sanitario sia dal periodo di incubazione del patogeno, che in alcuni casi può risultare particolarmente lungo (es: epatite A). Un'ulteriore criticità riguarda la disponibilità dell'alimento sospetto: non di rado, infatti, esso risulta già completamente consumato o venduto, costringendo a campionare lotti differenti da quelli realmente implicati.

Occorre inoltre considerare i limiti intrinseci dei protocolli di campionamento e delle metodiche analitiche. I patogeni, infatti, non si distribuiscono uniformemente negli alimenti, e ciò rende la rilevazione fortemente dipendente dal numero e dalla tipologia delle unità campionarie. In più, i quantitativi di materiale disponibile, soprattutto quando si tratta di residui del pasto oggetto di indagine, risultano spesso insufficienti e inferiori agli standard previsti dalle normative per alcuni target microbiologici.

In assenza di indicazioni cliniche e anamnestiche, i campioni alimentari e i residui di pasto vengono sottoposti a pannelli di test di diversa ampiezza, come evidenziato in circa la metà delle indagini considerate nel presente report (per 20 indagini su 49 il LRMTA non ha collezionato dati relativi ad uno specifico sospetto diagnostico).

Infine, i risultati delle analisi di laboratorio sottolineano l'importanza del campionamento ambientale a supporto delle indagini epidemiologiche, una pratica che tuttavia non viene

applicata in maniera sistematica dai Servizi territoriali. Il sequenziamento con metodica NGS continua a costituire uno strumento fondamentale per lo studio dei focolai, la conduzione di indagini epidemiologiche e di analisi di “source attribution”. Questo tipo di approccio è inoltre fondamentale per la caratterizzazione genomica di ceppi patogeni, anche produttori di tossine, per identificarne le varianti genetiche e monitorare la diffusione dei determinanti di resistenza antimicrobica e di virulenza. Questa metodologia è stata applicata nelle indagini in cui erano disponibili sia gli isolati di origine alimentare e ambientale che quelli di origine umana (ID 34 e 47), per il corretto rintracciamento della probabile fonte di contaminazione, o per assegnare diversi casi clinici ad un unico cluster epidemiologico, come ad esempio si procede con le analisi condotte di default dalla piattaforma di sorveglianza genomica IRIDA Aries.

In Italia, la metodologia di sequenziamento NGS viene applicata in modo sistematico solo da alcune reti di sorveglianza delle malattie tossinfettive, come quella dedicata alla listeriosi nell'uomo (Nota circolare 0008252 del Ministero della Salute, 13/03/2017, DGPRE “Sorveglianza e prevenzione della Listeriosi”) e quella relativa agli *Escherichia coli* STEC, supportate dalla piattaforma nazionale IRIDA Aries gestita dall'Istituto Superiore di Sanità.

Per quanto riguarda il settore veterinario e alimentare, il Decreto legislativo n. 27 del 2 febbraio 2021, che recepisce il Regolamento (UE) 2017/625 sui controlli ufficiali, stabilisce l'obbligo per i laboratori ufficiali di trasmettere al Laboratorio Nazionale di Riferimento o al Centro di Referenza Nazionale i ceppi di microrganismi patogeni isolati nel corso delle attività ufficiali, oppure le relative sequenze genomiche. Tali sequenze possono essere conferite anche al Centro di Referenza Nazionale per le sequenze genomiche dei microrganismi patogeni presso l'IZS Abruzzo e Molise.

Questa organizzazione rappresenta un punto di forza quando il patogeno o la patologia in questione rientrano in una rete di sorveglianza (es: Enternet Italia) o sono gestiti da un Laboratorio Nazionale di Riferimento o da un Centro di Referenza Nazionale. In caso di focolai estesi o allerte internazionali, tali enti coordinano con i centri regionali di riferimento, ove presenti, le attività di recupero e confronto degli isolati di diversa origine, contribuendo anche alle indagini epidemiologiche e alle attività di sorveglianza tramite la produzione di report periodici, che costituiscono una preziosa fonte informativa sulla diffusione dei diversi patogeni a trasmissione alimentare sul territorio.

La situazione è invece più complessa per i patogeni a trasmissione alimentare non ancora supportati da una specifica rete o da un laboratorio di riferimento, come *Bacillus cereus* o *Clostridium perfringens*, poco indagati in ambito clinico e non inclusi negli attuali sistemi di sorveglianza e piattaforme di tipizzazione.

Questi elementi sottolineano l'importanza di gestire congiuntamente i ceppi di origine animale, alimentare, ambientale e umana, secondo un approccio One Health, già adottato dall'IZSLT e dall'ISS. Il presente report evidenzia, inoltre, la centralità della collaborazione tra le diverse istituzioni coinvolte nella gestione delle MTA (IZS, ISS, SERESMI, Autorità regionali e locali competenti).

Permangono tuttavia margini di miglioramento, in particolare per quanto riguarda la standardizzazione delle procedure, il rafforzamento delle reti di scambio dati e il potenziamento delle indagini sulle MTA a livello regionale. Si evidenzia, in particolare, la necessità di:

- implementare i sistemi di comunicazione rapida tra le organizzazioni coinvolte;
- consentire anche ai laboratori regionali di riferimento l'accesso al sistema PREMAL per integrare e aggiornare i dati delle ASL;
- promuovere l'invio tempestivo da parte di strutture ospedaliere e laboratori privati degli isolati di patogeni a trasmissione alimentare al CREP e al LRPTAU, secondo le rispettive competenze.

In ottemperanza alla Determinazione Regionale n. G06447 del 28 maggio 2021, all'Atto di orga-

nizzazione Regionale n. G12436 del 12 ottobre 2021 e al fine di impostare un adeguato piano di sorveglianza delle MTA durante il Giubileo 2025 nel mese di marzo 2024 si è riunito il Gruppo Regionale per la gestione delle MTA. Nei mesi successivi il Gruppo Regionale ha operato in maniera efficace e collaborativa per portare a compimento l'attività di revisione ed aggiornamento delle Linee guida per la sorveglianza delle MTA e delle procedure logistico-operative per il funzionamento del sistema di sorveglianza delle MTA (Deliberazione di Giunta Regionale n. 1944 del 6 aprile 1999). Le nuove "Linee di indirizzo per la gestione di casi e focolai da malattie veicolate da alimenti", approvate con Deliberazione della Giunta Regionale del 19 settembre 2024, n. 712, rappresentano un importante strumento di riferimento operativo, volto a rafforzare la capacità di risposta del sistema sanitario regionale, a garantire una gestione uniforme e tempestiva degli eventi e a favorire la collaborazione interistituzionale secondo un approccio One Health.



Ringraziamenti

Ringraziamo per la gentile collaborazione il personale tecnico della UOC Microbiologia degli Alimenti e le UOT della regione Lazio dell'IZSLT, le ASL, le strutture ospedaliere e i laboratori privati conferenti.

Riferimenti bibliografici

- Russini V, Spaziante M, Zottola T, Fermani AG, Di Giampietro G, Blanco G, Fabietti P, Marro-ne R, Parisella R, Parrocchia S, Bossù T, Bilei S, De Marchis ML. A Nosocomial Outbreak of Invasive Listeriosis in An Italian Hospital: Epidemiological and Genomic Features. *Pathogens*. 2021 May 12;10(5):591. doi: 10.3390/pathogens10050591.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- Russini V, De Marchis ML, Sampieri C, Onorati C, Zucchitta P, De Santis P, Varcasia BM, De Santis L, Chiaverini A, Gattuso A, Vestri A, Gasperetti L, Condoleo R, Palla L, Bossù T. Exploratory Genomic Marker Analysis of Virulence Patterns in *Listeria monocytogenes* Human and Food Isolates. *Foods*. 2025 May 9;14(10):1669. doi: 10.3390/foods14101669.

