

GENNAIO 2026  
NUMERO UNO  
ANNO 1

# QUADERNI DI ZOOPOROFILASSI

RAPPORTO BI-REGIONALE  
DI SORVEGLIANZA  
2024

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)

# QUADERNI DI ZOO PROFILASSI

PERIODICO DELL'ISTITUTO  
ZOO PROFILATTICO 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 IZSLT

Copyright 2026-2025  
QUADERNI DI ZOO PROFILASSI  
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**  
**GINA DI GIAMPIETRO**  
**MARIA GRAZIA MARROCCO**  
**SABRINA PECHI**  
**ALESSANDRO DI SIRIO**  
**SILVIA VITA**  
**AGNESE ROSSI**  
**SONIA AMITI**  
**LAURA DE SANTIS**  
**BIANCA MARIA VARCASI**  
**CHIARA BRAVACCINI**  
**FRANCESCA CAMPEIS**  
**CRISTINA CIRRI**  
**ENRICA RICCI**  
**VALERIA RUSSINI**  
**MARTA BIVONA**  
**ANDREA FRANCESCO DE BENE**  
**PAOLA DE SANTIS**  
**SARAH LOVARI**  
**TATIANA BOGDANOVA**  
**ROBERTO CONDOLEO**  
**LAURA GASPERETTI**  
**PAOLA MARCONI**  
**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 Listeria monocytogenes (CRRLm). | <b>3</b>  |
| Deliberazioni e riconoscimenti   | <b>3</b>  |
| Attività di laboratorio  | <b>4</b>  |
| Attività di sorveglianza   | <b>5</b>  |
| SALMONELLA 2024  | <b>7</b>  |
| Salmonella spp. di origine umana   | <b>7</b>  |
| Salmonella spp. di origine veterinaria   | <b>12</b> |
| Salmonella spp. negli animali  | <b>14</b> |
| Salmonella spp. negli alimenti, nei mangimi e nell'ambiente  | <b>16</b> |
| Caratterizzazione dei ceppi di Salmonella spp. isolati da campioni del piano AMR   | <b>17</b> |
| LISTERIA MONOCYTOGENES 2024  | <b>19</b> |
| Listeria monocytogenes di origine umana  | <b>19</b> |
| Listeria monocytogenes di origine veterinaria  | <b>22</b> |
| YERSINIA ENTEROCOLITICA 2024   | <b>24</b> |
| Yersinia enterocolitica di origine umana   | <b>24</b> |
| Yersinia enterocolitica di origine alimentare  | <b>26</b> |
| CAMPYLOBACTER 2024   | <b>27</b> |
| Campylobacter spp. di origine umana  | <b>27</b> |
| Campylobacter spp. di origine alimentare   | <b>28</b> |
| ESCHERICHIA COLI STEC 2024   | <b>29</b> |
| Escherichia coli STEC di origine umana   | <b>29</b> |
| Escherichia coli STEC di origine alimentare  | <b>29</b> |
| SHIGELLA 2024  | <b>31</b> |
| VIBRIO 2024  | <b>32</b> |
| APPENDICE - Dati dall'Europa: il Rapporto EFSA/ECDC sulle zoonosi in Europa 2023   | <b>33</b> |
| PRODUZIONE SCIENTIFICA   | <b>43</b> |
| RINGRAZIAMENTI   | <b>43</b> |

# **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 (DGPRE-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 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 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 AOOGRT/PD Prot. 0395330 Data 17/10/2022). Con successive note DGPRA 41736 del 5/10/2022 e DGPRA 43148 del 17/10/22 il Ministero della Salute ha individuato la competenza degli IIZZSS, 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 sieragglutinazione 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. Il CRRLm 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 Laboratorio Nazionale di Riferimento (LNR) IZSAM di Teramo (SEAP-GenPAT) per i ceppi alimentari, ani-

mali 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. parahaemolyticus* e *V. vulnificus*), ed infine si eseguono prove di identificazione di specie batteriche con metodiche in PCR e di sequenziamento diretto (Sanger). Il CRRLm 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 *Salmonella* spp., *Y. enterocolitica*, *Shigella* spp., 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 *L. 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 (NRL-AR) e (CRN-AR) (UOC Diagnostica Generale) ed il LRPTAU 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 antibiotico-resistenti, 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, effettuate dai laboratori specialistici della sede Centrale (CREP, LRPTAU e LRMTA), 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 tossinfettivi con i Dipartimenti di Prevenzione della Regione Toscana ed il Centro Regionale per le Tossinfezioni alitari 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 2024

## Salmonella spp. di origine umana

Complessivamente gli isolati di *Salmonella* spp. notificati al sistema Enter-Net per l'anno 2024 sono stati 524 (451 per il Lazio, con un decremento del 9,8% e 73 per la Toscana con un incremento del 14,1% rispetto al 2023) (Grafico 1). L'apparente diminuzione osservata nella regione Lazio è attribuibile a un focolaio regionale di S. Stanley, verificatosi tra la fine del 2022 e l'inizio del 2023, e risolto nel corso dello stesso anno.

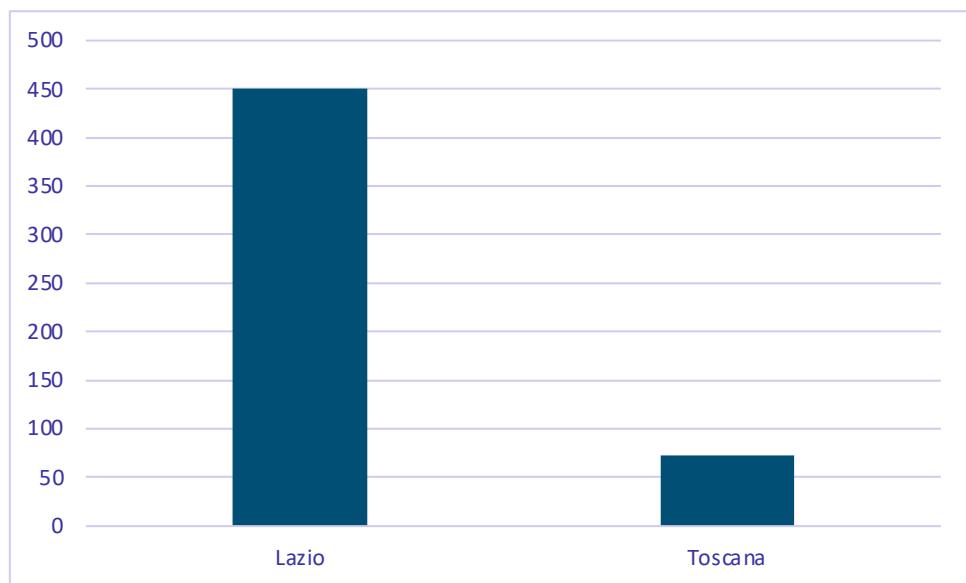


Grafico 1 - *Numeri degli isolati di origine umana di *Salmonella* spp. nell'anno 2024, conferiti da strutture ospedaliere e laboratori privati per le regioni Lazio e Toscana.*

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 1 e 2). Le matrici biologiche più frequentemente positive sono risultate le feci ed il sangue (Grafico 2).

| Strutture ospedaliere/laboratori Lazio                               | Numero isolati |
|--|----------------|
| Laboratorio analisi Cerba HealthCare Italia (Guidonia Montecelio-RM) | 88             |
| Ospedale Bambino Gesù (RM)   | 35             |
| Policlinico Agostino Gemelli (RM)                                    | 34             |
| Laboratorio analisi SYNLAB (RM)                                      | 26             |
| Policlinico Casilino (RM)  | 22             |
| Ospedale San Paolo (Civitavecchia-RM)                                | 14             |
| Laboratorio Analisi Bios Euclide (RM)                                | 14             |
| Policlinico Umberto I (RM)   | 13             |

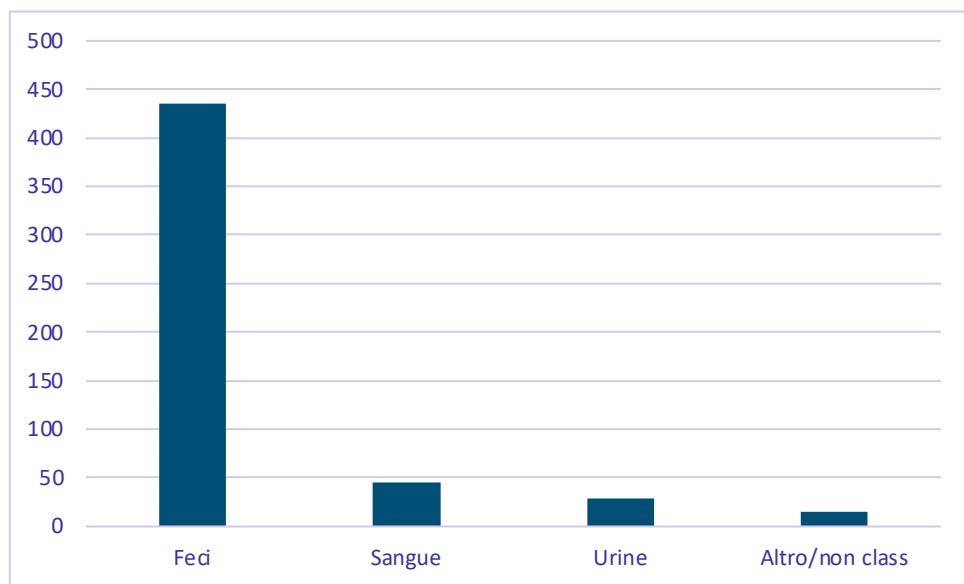
|  |    |
|--|----|
| Laboratorio Analisi Cliniche Caravaggio (RM)                       | 13 |
| Ospedale San Camillo Forlanini (RM)                                | 12 |
| Ospedale San Filippo Neri (RM)                                     | 12 |
| Ospedale Belcolle (VT)   | 11 |
| Ospedale di Formia (LT)  | 11 |
| Ospedale Santa Maria Goretti (LT)                                  | 11 |
| INMI L. Spallanzani (RM)   | 11 |
| Ospedale San Giovanni Addolorata (RM)                              | 10 |
| Ospedale Sandro Pertini (RM)                                       | 10 |
| Ospedale Sant'Eugenio (RM)   | 9  |
| Policlinico Tor Vergata (RM)                                       | 8  |
| Artemisia Lab Analisys (RM)  | 7  |
| Centro Diagnostico Buonarroti (Civitavecchia-RM)                   | 6  |
| Nuovo Ospedale dei Castelli (Ariccia-RM)                           | 6  |
| Policlinico Universitario Campus Bio-Medico (RM)                   | 6  |
| Laboratorio Machiavelli Medical House (RM)                         | 5  |
| Ospedale San Pietro Fatebenefratelli (RM)                          | 4  |
| Ospedale Civile di Acquapendente (VT)                              | 4  |
| LabAurelia (RM)  | 4  |
| Laboratorio analisi AXALAB (RM)                                    | 3  |
| Laboratorio analisi Zaffino (RM)                                   | 3  |
| Ospedale G.B. Grassi (Ostia-RM)                                    | 3  |
| Ospedale Madre Giuseppina Vannini (RM)                             | 3  |
| Ospedale San Camillo De Lellis (RI)                                | 3  |
| Laboratorio Namur (RM)   | 2  |
| Ospedale Fabrizio Spaziani (FR)                                    | 2  |
| Ospedale Sant'Andrea (RM)  | 2  |
| Poliambulatorio Medico - Analisi Cliniche Manzi (Montefiascone-VT) | 2  |
| ICOT Istituto Marco Pasquali (LT)                                  | 1  |
| Centro Analisi Falisco (Fabrica di Roma-VT)                        | 1  |
| Analisi Cliniche Malatesta (RM)                                    | 1  |
| I.N.I. - Sezione microbiologia e virologia (Grottaferrata-RM)      | 1  |
| Centro Medico Tiziano (RM)   | 1  |
| Centro Sa.Na (Aprilia-LT)  | 1  |
| IFO - Istituto Dermatologico San Gallicano (RM)                    | 1  |
| Laboratorio Analisi BIOS (Bracciano-RM)                            | 1  |
| Laboratorio Analisi BIOS Prevention (RM)                           | 1  |
| Laboratorio Analisi Cliniche Portuense (RM)                        | 1  |
| Laboratorio Analisi Cliniche Sanitas (Anagni-FR)                   | 1  |
| Laboratorio Analisi Cliniche Tiburtino (RM)                        | 1  |
| Laboratorio Analisi Lepetit (RM)                                   | 1  |
| Laboratorio analisi Ricerche Cliniche Cludio (RM)                  | 1  |
| Laboratorio Medilab Ciampino (RM)                                  | 1  |

|  |            |
|--|------------|
| Nomentana Hospital (RM)                          | 1          |
| Ospedale Cristo Re (RM)                          | 1          |
| Ospedale Leopoldo Parodi Delfino (Colleferro-RM) | 1          |
| Ospedale San Carlo di Nancy (RM)                 | 1          |
| Ospedale di Tivoli (RM)                          | 1          |
| Presidio Ospedaliero di Sora (FR)                | 1          |
| Salvator Mundi International Hospital (RM)       | 1          |
| <b>Totale</b>                                    | <b>451</b> |

**Tabella 1** - Strutture conferenti e numero di isolati di *Salmonella* spp. di origine umana raccolti nella regione Lazio nel 2024

| Strutture ospedaliere/laboratori Toscana                       | Numero isolati |
|--|----------------|
| Azienda Ospedaliero-Universitaria Pisana (PI)                  | 23             |
| Ospedali Riuniti di Livorno (LI)                               | 19             |
| Ospedale San Luca (LU)   | 8              |
| Ospedale di Cecina (LI)  | 6              |
| Azienda USL Toscana Nord-Ovest - Zona Valdera (PI)             | 5              |
| Ospedale di Piombino (LI)                                      | 5              |
| Ospedale Felice Lotti (Pontedera-PI)                           | 3              |
| Ospedale Civile Elba (LI)                                      | 2              |
| Azienda USL Toscana Nord-Ovest - Zona bassa Val di Cecina (LI) | 1              |
| Azienda USL Toscana Nord-Ovest Livornese (LI)                  | 1              |
| <b>Totale</b>  | <b>73</b>      |

**Tabella 2** - Strutture conferenti e numero di isolati di *Salmonella* spp. di origine umana raccolti nella regione Toscana nell'anno 2024



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

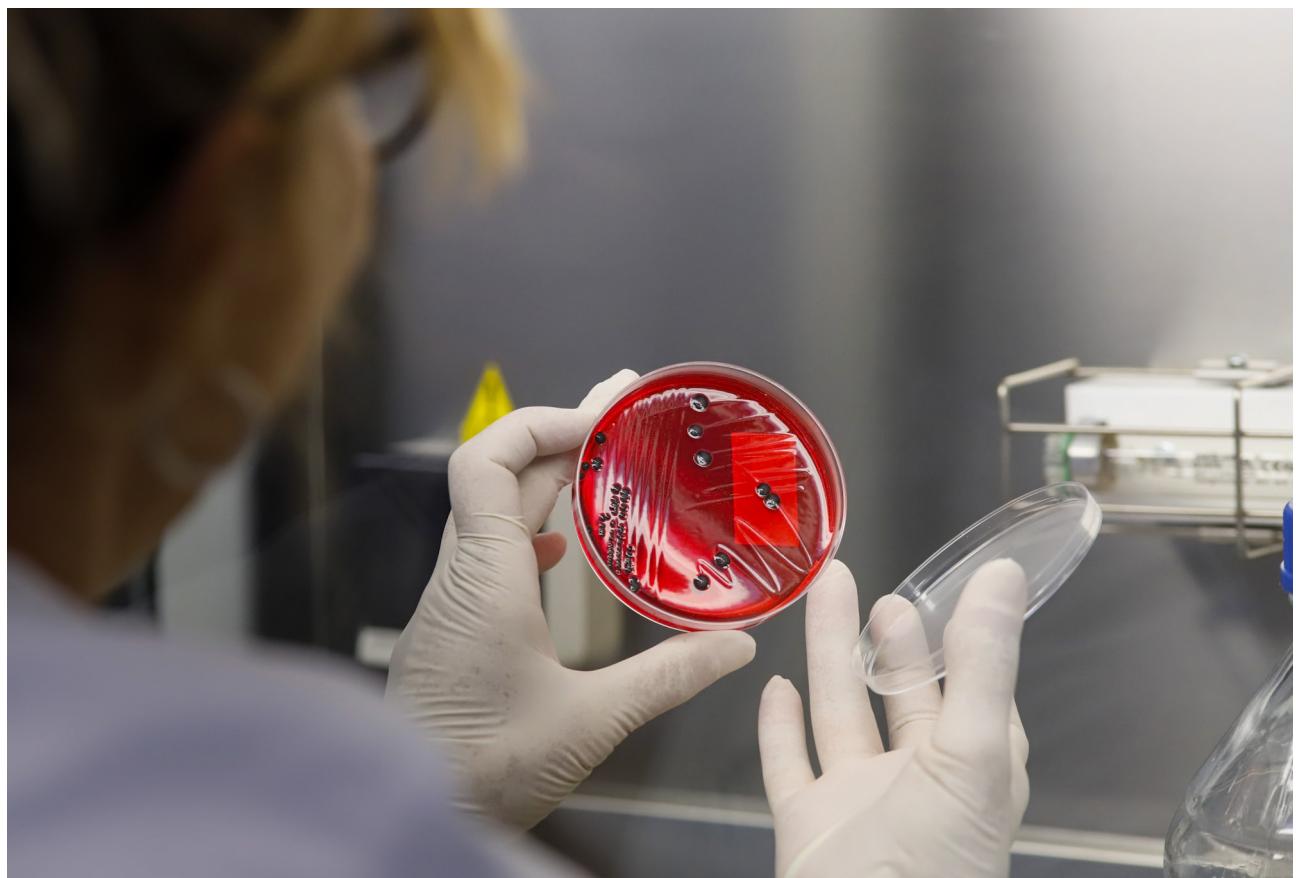
Nel 2024 i sierotipi più frequentemente isolati nell'uomo sono risultati *S. Typhimurium* variante monofasica, *S. Enteritidis* e *S. Typhimurium* (Tabella 3). Nel 2024 è stato registrato un focolaio multiregionale di *S. Strathcona* in mense scolastiche di diverse regioni italiane, tra cui la Toscana. L'origine di tale focolaio è presumibilmente legata al consumo di pasti a base di pomodorini. La maggior parte dei ceppi di *S. Stratchona* toscani, isolati presso l'Azienda Ospedaliero Universitaria Careggi, non è stata analizzata presso i laboratori dell'IZSLT, per cui la prevalenza di tale sierotipo risulta fortemente sottostimata nel presente report (10 casi).

| Sierotipo                        | Numero isolati | %           |
|----------------------------------|----------------|-------------|
| <i>S. Typhimurium</i> monofasica | 135            | 25,8%       |
| <i>S. Enteritidis</i>            | 77             | 14,7%       |
| <i>S. Typhimurium</i>            | 65             | 12,4%       |
| <i>S. Infantis</i>               | 28             | 5,3%        |
| <i>S. Derby</i>                  | 25             | 4,8%        |
| <i>S. Napoli</i>                 | 14             | 2,7%        |
| <i>S. Bovismorbificans</i>       | 12             | 2,3%        |
| <i>S. Muenster</i>               | 10             | 1,9%        |
| <i>S. Strathcona</i>             | 10             | 1,9%        |
| <i>S. Newport</i>                | 9              | 1,7%        |
| <i>S. Typhi</i>                  | 9              | 1,7%        |
| <i>S. Agona</i>                  | 8              | 1,5%        |
| <i>S. Brandenburg</i>            | 8              | 1,5%        |
| <i>S. Umbilo</i>                 | 6              | 1,1%        |
| <i>S. Give</i>                   | 5              | 1,0%        |
| <i>S. London</i>                 | 5              | 1,0%        |
| <i>S. Bredeney</i>               | 4              | 0,8%        |
| <i>S. Poona</i>                  | 4              | 0,8%        |
| <i>S. Goldcoast</i>              | 3              | 0,6%        |
| <i>S. Kasenyi</i>                | 3              | 0,6%        |
| <i>S. Paratyphi B</i>            | 3              | 0,6%        |
| <i>S. Stanley</i>                | 3              | 0,6%        |
| <i>S. Thompson</i>               | 3              | 0,6%        |
| <i>S. Heidelberg</i>             | 2              | 0,4%        |
| <i>S. Kedougou</i>               | 2              | 0,4%        |
| <i>S. Kentucky</i>               | 2              | 0,4%        |
| <i>S. Muenchen</i>               | 2              | 0,4%        |
| <i>S. Rissen</i>                 | 2              | 0,4%        |
| <i>S. Senftenberg</i>            | 2              | 0,4%        |
| <i>S. Stanleyville</i>           | 2              | 0,4%        |
| Altri sierotipi                  | 61             | 11,6%       |
| <b>Totale</b>                    | <b>524</b>     | <b>100%</b> |

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

| Fasce d'età   | F          | M          | Non noto  | Totale     | %           |
|---------------|------------|------------|-----------|------------|-------------|
| 0-11 mesi     | 13         | 17         | -         | 30         | 5,7%        |
| 1-5 anni      | 32         | 44         | 3         | 79         | 15,1%       |
| 6-15 anni     | 45         | 51         | 2         | 98         | 18,7%       |
| 16-30 anni    | 21         | 22         | 1         | 44         | 8,4%        |
| 31-60 anni    | 47         | 44         | 6         | 97         | 18,5%       |
| 61-80 anni    | 46         | 70         | 5         | 121        | 23,1%       |
| 81-98 anni    | 32         | 18         | 1         | 51         | 9,7%        |
| Non noto      | 1          | 2          | 1         | 4          | 0,8%        |
| <b>Totale</b> | <b>237</b> | <b>268</b> | <b>19</b> | <b>524</b> | <b>100%</b> |

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



## Salmonella spp. di origine veterinaria

Nel corso del 2024 sono stati notificati dal CREP alla rete Enter-vet complessivamente 370 ceppi di *Salmonella* spp. di cui 175 (47,3%) provenienti dal Lazio, 195 (52,7%) dalla Toscana (Tabella 5). In ambito veterinario il numero di isolati conferiti ha subito un notevole aumento per entrambe le regioni (+15,9 % per il Lazio e +31,7% per la Toscana rispetto al 2023).

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       | 175            | 47,3%      |
| Lazio         | 195            | 52,7%      |
| <b>Totale</b> | <b>370</b>     | <b>100</b> |

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

| Specie                                 | Subspecie         | Alimen-to  | Ambiente | Animale    | Mangime  | Non noto | Totale     |
|--|-------------------|------------|----------|------------|----------|----------|------------|
| <i>S. enterica</i>                     | <i>enterica</i>   | 197        | 3        | 142        | 1        | 2        | 345        |
|  | <i>salamae</i>    | -          | -        | 1          | -        | -        | 1          |
|  | <i>arizonae</i>   | 1          | -        | 1          | -        | -        | 2          |
|  | <i>diarizonae</i> | 1          | -        | 9          | -        | -        | 10         |
|  | <i>houtenae</i>   | -          | -        | 1          | -        | -        | 1          |
| <i>S. bongori</i>                      | -                 | -          | -        | 1          | -        | -        | 1          |
| Formula incompleta/<br>non tipizzabile | -                 | 3          | -        | 7          | -        | -        | 10         |
|  | <b>Totale</b>     | <b>202</b> | <b>3</b> | <b>162</b> | <b>1</b> | <b>2</b> | <b>370</b> |

Tabella 6 - Ripartizione per specie e sottospecie degli isolati di *Salmonella* spp. di origine veterinaria raccolti nell'anno 2024

In riferimento ai sierotipi clinicamente rilevanti, nel corso del 2024, la frequenza di isolamento di *S. Enteritidis* è leggermente diminuita rispetto all'anno precedente, passando dal 2% all'1,4%. I livelli di *S. Typhimurium* sono lievemente aumentati, passando rispettivamente dal 5,3% al 5,7%, mentre quelli della sua variante monofasica sono scesi dal 4,3% al 3,8% (Tabella 7).



| Sierotipo  | Numero isolati | %           |
|--|----------------|-------------|
| <i>S. Infantis</i>                                   | 148            | 40,0%       |
| <i>S. Agona</i>                                      | 27             | 7,3%        |
| <i>S. Kentucky</i>                                   | 22             | 5,9%        |
| <i>S. Typhimurium</i>                                | 21             | 5,7%        |
| <i>S. Typhimurium</i> variante monofasica            | 14             | 3,8%        |
| <i>S. Anatum</i>                                     | 13             | 3,5%        |
| <i>S. Napoli</i>                                     | 10             | 2,7%        |
| <i>S. Derby</i>                                      | 8              | 2,2%        |
| <i>S. Thompson</i>                                   | 8              | 2,2%        |
| <i>S. Abortusovis</i>                                | 7              | 1,9%        |
| <i>S. Muenster</i>                                   | 7              | 1,9%        |
| <i>S. Enteritidis</i>                                | 5              | 1,4%        |
| <i>S. Newport</i>                                    | 5              | 1,4%        |
| <i>S. Stanleyville</i>                               | 5              | 1,4%        |
| <i>S. Hessarek</i>                                   | 4              | 1,1%        |
| <i>S. Veneziana</i>                                  | 4              | 1,1%        |
| <i>S. Bredeney</i>                                   | 3              | 0,8%        |
| <i>S. Manhattan</i>                                  | 3              | 0,8%        |
| <i>S. Nchanga</i>                                    | 3              | 0,8%        |
| <i>S. Choleraesuis</i>                               | 2              | 0,5%        |
| <i>S. Kasenye</i>                                    | 2              | 0,5%        |
| <i>S. Mikawasima</i>                                 | 2              | 0,5%        |
| <i>S. Abortusequi</i>                                | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Altona</i>                                     | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Blockley</i>                                   | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Braenderup</i>                                 | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Cerro</i>                                      | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Eastbourne</i>                                 | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Fyris</i>                                      | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Give</i>                                       | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Kisarawe</i>                                   | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Liverpool</i>                                  | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Livingstone</i>                                | 1              | 0,3%        |
| <i>S. London</i>                                     | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Mishmarhaemek</i>                              | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Muenchen</i>                                   | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Ouakam</i>                                     | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Rissen</i>                                     | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Stanley</i>                                    | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Strathcona</i>                                 | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Szentes</i>                                    | 1              | 0,3%        |
| <i>S. Takoradi</i>                                   | 1              | 0,3%        |
| Formula incompleta/non tipizzabile/altre sottospecie | 27             | 7,3%        |
| <b>Totale complessivo</b>                            | <b>370</b>     | <b>100%</b> |

Tabella 7 - Isolati di *Salmonella* spp. di origine veterinaria raccolti nel 2024 ripartiti per sierotipo di appartenenza

## Salmonella spp. negli animali

| Sierotipo  | Bovino   | Bufalo   | Caprino  | Equino   | Ovino     | Suino    | Cinghiale | Cane      | Gatto    | Volpe    | Altri mammiferi | Volatili               | Rettile  | Numero isolati |
|--|----------|----------|----------|----------|-----------|----------|-----------|-----------|----------|----------|-----------------|------------------------|----------|----------------|
| <i>S. Abortusequi</i>  |          |          |          | 1        |           |          |           |           |          |          |                 |                        |          | 1              |
| <i>S. Abortusovis</i>  |          |          |          |          | 7         |          |           |           |          |          |                 |                        |          | 7              |
| <i>S. Agona</i>  |          |          |          |          |           |          |           |           | 1        |          |                 | 21                     |          | 22             |
| <i>S. Anatum</i>   |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 | 3                      |          | 3              |
| <i>S. Braenderup</i>   |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 | 1                      |          | 1              |
| <i>S. Bredeney</i>   |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 | pollaio (1) pag 15.jpg |          | 1              |
| <i>S. Choleraesuis</i>                                       |          |          |          |          |           |          |           |           |          | 1        |                 |                        |          | 1              |
| <i>S. Derby</i>  |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 | 1                      |          | 1              |
| <i>S. Eastbourne</i>   |          |          |          |          |           |          | 1         |           |          |          |                 |                        |          | 1              |
| <i>S. Enteritidis</i>  |          |          |          | 1        |           |          |           |           |          | 3        | 1               |                        |          | 5              |
| <i>S. Hessarek</i>   |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 | 4                      |          | 4              |
| <i>S. Infantis</i>   |          |          |          |          | 1         |          |           | 3         |          |          | 1               | 8                      |          | 13             |
| <i>S. Kasenyi</i>  |          |          |          |          | 1         |          |           |           |          | 1        |                 |                        |          | 2              |
| <i>S. Kentucky</i>   |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 | 21                     |          | 21             |
| <i>S. Kisarawe</i>   |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 | 1                      |          | 1              |
| <i>S. Liverpool</i>  |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 | 1                      |          | 1              |
| <i>S. Livingstone</i>  |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 | 1                      |          | 1              |
| <i>S. Manhattan</i>  |          |          |          | 1        |           |          |           |           |          |          |                 | 2                      |          | 3              |
| <i>S. Mikawasima</i>   |          |          |          |          |           |          |           | 2         |          |          |                 |                        |          | 2              |
| <i>S. Mishmarhaemek</i>                                      |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 | 1                      |          | 1              |
| <i>S. Muenster</i>   |          | 6        |          |          |           |          |           |           |          |          |                 |                        |          | 6              |
| <i>S. Napoli</i>   |          | 1        | 1        |          | 1         | 1        |           |           |          |          | 2               | 3                      | 1        | 10             |
| <i>S. Nchanga</i>  |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 |                        | 1        | 1              |
| <i>S. Ouakam</i>   |          |          |          |          |           |          |           |           |          |          |                 | 1                      |          | 1              |
| <i>S. Stanleyville</i>                                       | 1        |          |          |          |           |          |           | 1         |          |          |                 | 2                      |          | 4              |
| <i>S. Szentes</i>  |          |          |          |          |           |          |           |           | 1        |          |                 |                        |          | 1              |
| <i>S. Thompson</i>   |          |          |          |          |           |          |           | 2         |          |          |                 | 4                      |          | 6              |
| <i>S. Typhimurium</i>  |          |          |          | 1        |           | 1        |           |           |          |          | 1               | 11                     |          | 14             |
| <i>S. Veneziana</i>  |          |          |          | 1        |           |          |           |           |          | 1        |                 |                        |          | 2              |
| <i>S. Typhimurium</i> var.monofasica                         |          |          |          |          |           | 2        |           |           |          |          |                 | 2                      |          | 4              |
| Formula incompleta/<br>non tipizzabile/<br>altre sottospecie | 1        |          |          |          | 5         | 1        | 1         | 1         | 2        |          | 3               | 4                      | 3        | 21             |
| <b>Totale</b>  | <b>2</b> | <b>7</b> | <b>2</b> | <b>4</b> | <b>14</b> | <b>6</b> | <b>1</b>  | <b>10</b> | <b>5</b> | <b>2</b> | <b>10</b>       | <b>94</b>              | <b>6</b> | <b>162</b>     |

Tabella 8 - Numero e prevalenza dei principali sierotipi di *Salmonella* spp. nelle specie animali collezionati nel 2024

Sui campioni prelevati nell'ambito del Piano di Controllo Nazionale delle Salmonellosi negli avicoli, sono stati rilevati sierotipi rilevanti in 5 casi. In particolare è stata riscontrata la presenza di *S. Enteritidis* in un gruppo di galline ovaiole, di *S. Typhimurium* in due gruppi di polli da carne ed in un gruppo di galline ovaiole e della sua variante monofasica in un gruppo di tacchini da carne. Come l'anno precedente, non sono stati registrati isolamenti di *S. Virchow* e di *S. Hadar*. In generale i sierotipi più frequentemente riscontrati sono risultati la *S. Kentucky* nei gruppi di galline ovaiole (nel 56,8% dei gruppi appartenenti a questa categoria) e la *S. Agona* nei gruppi di tacchini da riproduzione e da ingrasso (nell'84 % dei gruppi appartenenti alle due categorie) (Tabella 8).

| Sierotipo                                | Pollo da carne | Gallina ovaiola | Tacchino da carne | Tacchino da riproduzione | Totale    |
|--|----------------|-----------------|-------------------|--------------------------|-----------|
| <i>S. Agona</i>                          |                |                 | 2                 | 19                       | 21        |
| <i>S. Anatum</i>                         |                |                 | 1                 | 2                        | 3         |
| <i>S. Braenderup</i>                     |                | 1               |                   |                          | 1         |
| <i>S. Bredeney</i>                       |                | 1               |                   |                          | 1         |
| <i>S. Derby</i>                          |                | 1               |                   |                          | 1         |
| <i>S. Enteritidis</i>                    |                | 1               |                   |                          | 1         |
| <i>S. Infantis</i>                       | 3              | 2               |                   |                          | 5         |
| <i>S. Kentucky</i>                       |                | 21              |                   |                          | 21        |
| <i>S. Liverpool</i>                      |                | 1               |                   |                          | 1         |
| <i>S. Livingstone</i>                    | 1              |                 |                   |                          | 1         |
| <i>S. Manhattan</i>                      |                | 2               |                   |                          | 2         |
| <i>S. Mishmarhaemek</i>                  |                | 1               |                   |                          | 1         |
| <i>S. Napoli</i>                         |                | 3               |                   |                          | 3         |
| <i>S. Ouakam</i>                         |                | 1               |                   |                          | 1         |
| <i>S. Stanleyville</i>                   | 1              | 1               |                   |                          | 2         |
| <i>S. Typhimurium</i>                    | 2              | 1               |                   |                          | 3         |
| <i>S. Typhimurium</i><br>var. monofasica |                |                 | 1                 |                          | 1         |
| <b>Totale</b>                            | <b>7</b>       | <b>37</b>       | <b>4</b>          | <b>21</b>                | <b>68</b> |

Tabella 9 - Sierotipi di *Salmonella* spp. isolati da campioni del Piano Nazionale di Controllo delle Salmonellosi negli avicoli per l'anno 2024



tività di controllo ufficiale e autocontrollo è risultato *S. Infantis*, prevalentemente riscontrato nella carne e nei prodotti a base di carne (133 isolati), seguito da *S. Anatum* e *S. Typhimurium* variante monofasica (10 isolati per ciascuna sierovariante) (Tabella 10).

| Sierotipo                                | Carcasse/<br>Frattaglie | Carne      | Prodotti<br>a base di<br>carne | Prodotti<br>a base di<br>uova | Prodotti<br>della pe-<br>sca | Prodotti<br>vegetali | Totale     |
|--|-------------------------|------------|--------------------------------|-------------------------------|------------------------------|----------------------|------------|
| <i>S. Infantis</i>                       | 2                       | 98         | 31                             | 1                             | 1                            |                      | <b>133</b> |
| <i>S. Anatum</i>                         |                         | 4          | 5                              |                               | 1                            |                      | <b>10</b>  |
| <i>S. Typhimurium</i><br>var. monofasica | 4                       | 2          | 4                              |                               |                              |                      | <b>10</b>  |
| <i>S. Derby</i>                          | 3                       |            | 3                              |                               | 1                            |                      | <b>7</b>   |
| <i>S. Agona</i>                          | 1                       | 1          | 3                              |                               |                              |                      | <b>5</b>   |
| <i>S. Newport</i>                        |                         | 1          | 3                              |                               | 1                            |                      | <b>5</b>   |
| <i>S. Typhimurium</i>                    |                         | 2          | 1                              |                               |                              | 1                    | <b>4</b>   |
| <i>S. Bredeney</i>                       | 1                       |            | 1                              |                               |                              |                      | <b>2</b>   |
| <i>S. Nchanga</i>                        | 2                       |            |                                |                               |                              |                      | <b>2</b>   |
| <i>S. Thompson</i>                       |                         | 1          |                                |                               | 1                            |                      | <b>2</b>   |
| <i>S. Veneziana</i>                      |                         |            |                                |                               | 2                            |                      | <b>2</b>   |
| <i>S. Altona</i>                         |                         |            | 1                              |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. Blockley</i>                       |                         | 1          |                                |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. Choleraesuis</i>                   |                         | 1          |                                |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. Fyris</i>                          | 1                       |            |                                |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. Give</i>                           |                         |            | 1                              |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. Kentucky</i>                       |                         | 1          |                                |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. London</i>                         |                         | 1          |                                |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. Muenchen</i>                       |                         |            | 1                              |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. Muenster</i>                       | 1                       |            |                                |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. Rissen</i>                         |                         |            | 1                              |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. Stanley</i>                        |                         |            |                                |                               | 1                            |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. Stanleyville</i>                   | 1                       |            |                                |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <i>S. Strathcona</i>                     |                         |            |                                |                               |                              | 1                    | <b>1</b>   |
| <i>S. Takoradi</i>                       |                         | 1          |                                |                               |                              |                      | <b>1</b>   |
| <b>Totale</b>                            | <b>16</b>               | <b>114</b> | <b>55</b>                      | <b>1</b>                      | <b>8</b>                     | <b>2</b>             | <b>196</b> |

Tabella 10 - Sierotipi prevalenti di *Salmonella* spp. isolati negli alimenti nel 2024

Nel 2024 sono stati collezionati anche 3 ceppi di *S. Typhimurium* provenienti da tamponi di superficie campionati per attività di autocontrollo nel settore alimentare ed un ceppo di *S. Cerro* da un mangime campionato nell'ambito del Piano Nazionale Alimentazione Animale (PNA).

## 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 pollo e tacchino (Tabella 12) per l'anno 2024 e conferiti al CREP, rispettivamente, dal Laboratorio di microbiologia degli Alimenti e dal CRN-AR e NRL-AR dell'IZSLT.

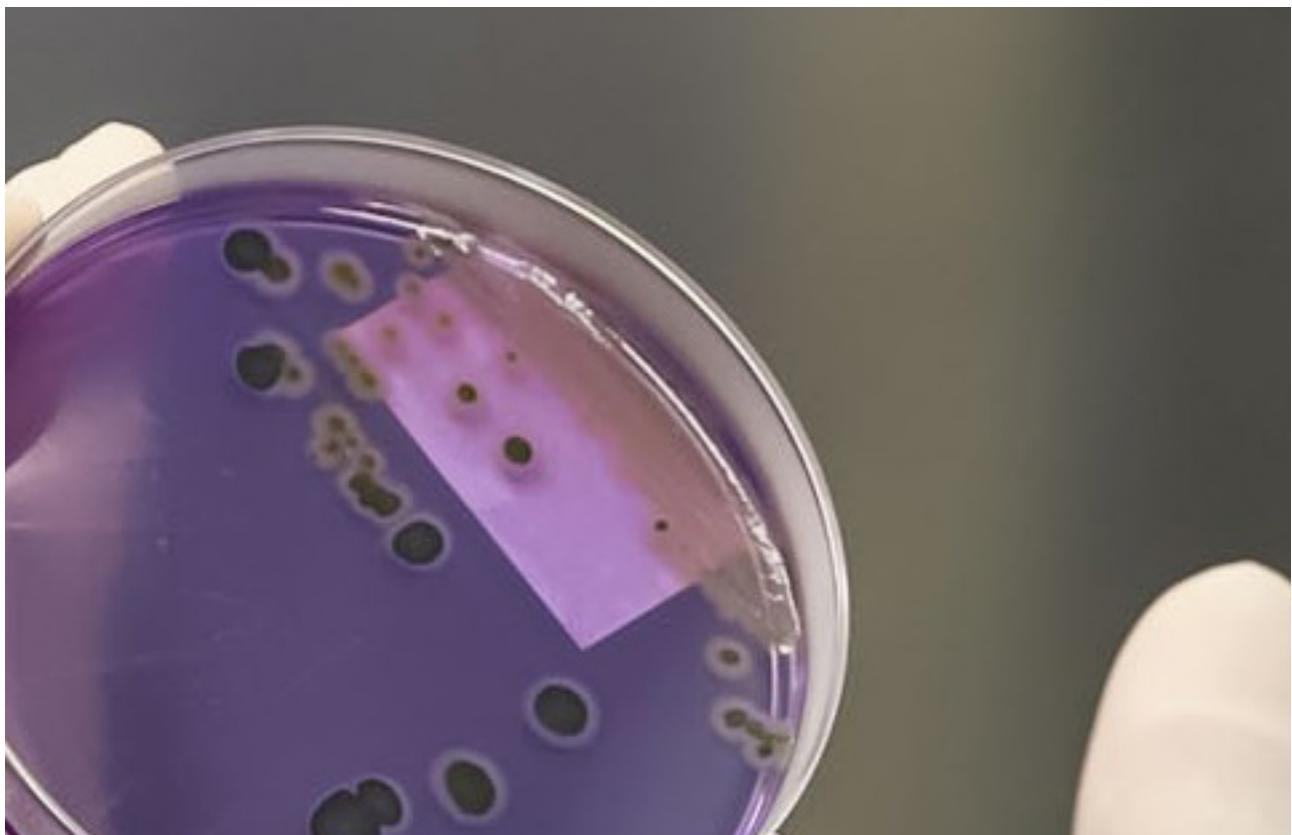
| Sierotipo             | Polli da carne | Tacchini  | Totale     |
|-----------------------|----------------|-----------|------------|
| <i>S. Infantis</i>    | 119            |           | 119        |
| <i>S. Agona</i>       | 1              | 12        | 13         |
| <i>S. Blockley</i>    | 4              | 2         | 6          |
| <i>S. Newport</i>     |                | 6         | 6          |
| <i>S. Anatum</i>      |                | 3         | 3          |
| <i>S. Thompson</i>    | 1              | 2         | 3          |
| <i>S. Bredeney</i>    | 2              |           | 2          |
| <i>S. Derby</i>       |                | 1         | 1          |
| <i>S. Enteritidis</i> |                | 1         | 1          |
| <i>S. Goldcoast</i>   |                | 1         | 1          |
| <i>S. Kedougou</i>    |                | 1         | 1          |
| Ceppo non tipizzabile | 1              |           | 1          |
| <b>Totale</b>         | <b>127</b>     | <b>30</b> | <b>157</b> |

Tabella 11 - Sierotipi di *Salmonella* spp. isolati nei campioni di carne fresche di polli da carne e tacchini, prelevate nell'ambito del piano AMR nell'anno 2024



| Sierotipo                             | Polli da carne | Tacchini   | Totale     |
|---------------------------------------|----------------|------------|------------|
| <i>S. Infantis</i>                    | 163            | 10         | 173        |
| <i>S. Agona</i>                       | 3              | 98         | 101        |
| <i>S. Newport</i>                     | 1              | 23         | 24         |
| <i>S. Anatum</i>                      |                | 17         | 17         |
| <i>S. Muenchen</i>                    |                | 8          | 8          |
| <i>S. Bredeney</i>                    |                | 5          | 5          |
| <i>S. Derby</i>                       |                | 5          | 5          |
| <i>S. Chester</i>                     |                | 3          | 3          |
| <i>S. Thompson</i>                    | 3              |            | 3          |
| <i>S. Enteritidis</i>                 | 2              |            | 2          |
| <i>S. Goldcoast</i>                   |                | 2          | 2          |
| <i>S. Isangi</i>                      | 1              | 1          | 2          |
| <i>S. Livingstone</i>                 | 1              | 1          | 2          |
| <i>S. Typhimurium</i> var. monofasica |                | 2          | 2          |
| <i>S. Blockley</i>                    | 1              |            | 1          |
| <i>S. Give</i>                        | 1              |            | 1          |
| <i>S. Mbandaka</i>                    | 1              |            | 1          |
| <i>S. Muenster</i>                    | 1              |            | 1          |
| Ceppo non tipizzabile                 | 2              |            | 2          |
| <b>Totale</b>                         | <b>180</b>     | <b>175</b> | <b>355</b> |

Tabella 12 - Sierotipi di *Salmonella* spp. isolati nei campioni cecali di pollo e tacchino prelevati nell'ambito del piano AMR nell'anno 2024.



# LISTERIA MONOCYTOGENES 2024

## Listeria monocytogenes di origine umana

Nel 2024 sono stati raccolti 65 isolati di origine umana di *L. monocytogenes*, di cui 49 presso il LRPTAU, provenienti dal Lazio (relativi a 40 pazienti) e 16 presso il CRRLm, provenienti dalla Toscana (relativi a 15 pazienti) (Tabella 13 e 14). Rispetto al 2023, si apprezza un significativo incremento dei ceppi collezionati dal Lazio (35 ceppi collezionati nel 2023).

| Ospedale                                 | Numero isolati |
|--|----------------|
| Policlinico Umberto I (RM)               | 8              |
| Policlinico Gemelli (RM)                 | 7              |
| INMI Spallanzani (RM)                    | 6              |
| Ospedale Sant'Eugenio (RM)               | 5              |
| Ospedale San Filippo Neri (RM)           | 4              |
| Ospedale San Camillo Forlanini (RM)      | 3              |
| Ospedale Bambino Gesù (RM)               | 2              |
| Ospedale Grassi Ostia (RM)               | 2              |
| Ospedale San Camillo De Lellis (RI)      | 2              |
| Ospedale San Giovanni Addolorato (RM)    | 2              |
| Policlinico Tor Vergata (RM)             | 2              |
| Ospedale F. Spaziani Frosinone (FR)      | 1              |
| Ospedale S. Giovanni di Dio - Fondi (LT) | 1              |
| Ospedale S. Pietro Fatebenefratelli (RM) | 1              |
| Ospedale Sandro Pertini (RM)             | 1              |
| Ospedale Sant'Andrea (RM)                | 1              |
| Policlinico Casilino (RM)                | 1              |
| <b>Totale</b>                            | <b>49</b>      |

Tabella 13 - Strutture conferenti e numero di isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nell'anno 2024 nella regione Lazio

| Ospedale                                      | Numero isolati |
|---|----------------|
| Azienda Ospedaliera Universitaria Senese (SI) | 5              |
| Azienda Ospedaliera Universitaria Pisana (PI) | 3              |
| Ospedale Cisanello (PI)                       | 1              |
| Ospedale di Piombino (LI)                     | 1              |
| Ospedale di Portoferraio-Elba (LI)            | 3              |
| Ospedale San Donato (AR)                      | 2              |
| Ospedale San Luca (LU)                        | 1              |
| <b>Totale</b>                                 | <b>16</b>      |

Tabella 14 - Strutture conferenti e numero di isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nell'anno 2024 nella regione Toscana

Le matrici biologiche più frequentemente positive sono risultate il liquor ed il sangue (Tabella 15). Nel 2024 gli uomini di età compresa tra i 35 e i 60 anni e tra i 71 e gli 80 anni hanno rappresentato le fasce d'età maggiormente colpite (Tabella 16).

| Matrice                               | numero isolati | %           |
|---------------------------------------|----------------|-------------|
| Sangue                                | 45             | 69,2%       |
| Liquor                                | 16             | 24,6%       |
| Placenta                              | 1              | 1,5%        |
| Pus                                   | 1              | 1,5%        |
| tampone placentare                    | 1              | 1,5%        |
| Tampone rettale, faringeo, auricolare | 1              | 1,5%        |
| <b>Totale complessivo</b>             | <b>65</b>      | <b>100%</b> |

Tabella 15 - Matrici di provenienza degli isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nel 2024 nelle regioni Lazio e Toscana

| Fascia d'età  | Sesso     |           |          | Totale    |
|---------------|-----------|-----------|----------|-----------|
|               | F         | M         | Non noto |           |
| < 1 anno      | 3         | 2         | -        | 5         |
| 1-34 anni     | 2         | 2         | -        | 4         |
| 35-60 anni    | 3         | 9         | 2        | 14        |
| 61-70 anni    | 3         | 4         | 1        | 8         |
| 71-80 anni    | 5         | 8         | -        | 13        |
| > 81 anni     | 5         | 5         | -        | 10        |
| Non noto      | -         | -         | 1        | 1         |
| <b>Totale</b> | <b>21</b> | <b>30</b> | <b>4</b> | <b>55</b> |

Tabella 16 - Distribuzione per fascia d'età e per sesso dei casi relativi agli isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nel 2024 nelle regioni Lazio e Toscana

Nel 2024 non sono stati registrati cambiamenti significativi nella distribuzione dei sierogruppi di appartenenza per gli isolati di *L. monocytogenes* di origine umana. Infatti la frequenza del sierogruppo IIa è variata dal 34% al 33,8%, quella del sierogruppo IIb dal 25% al 26,2%, quella del sierogruppo IIc dal 5,4% al 6,2% e quella del sierogruppo IVb dal 32,1% al 33,8% (Grafico 3).



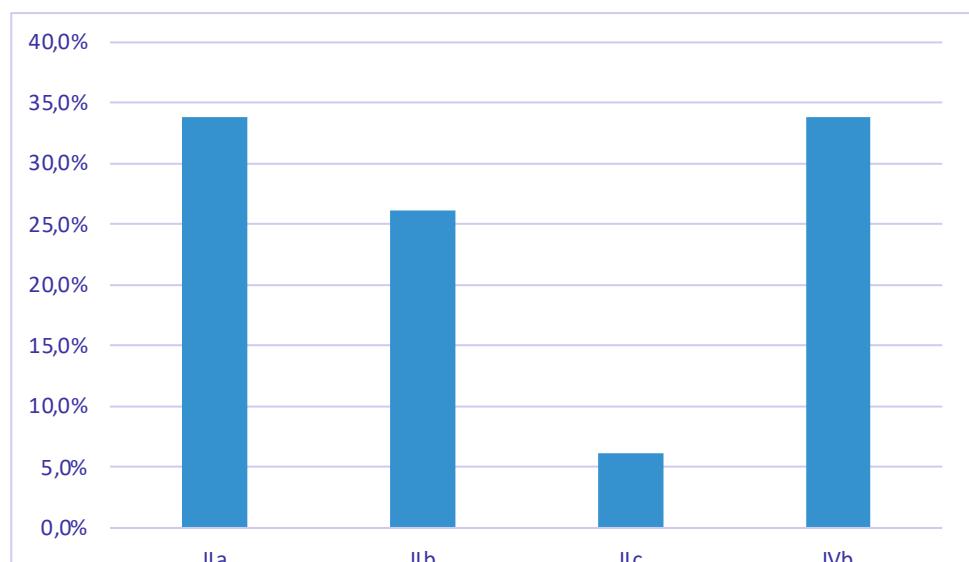
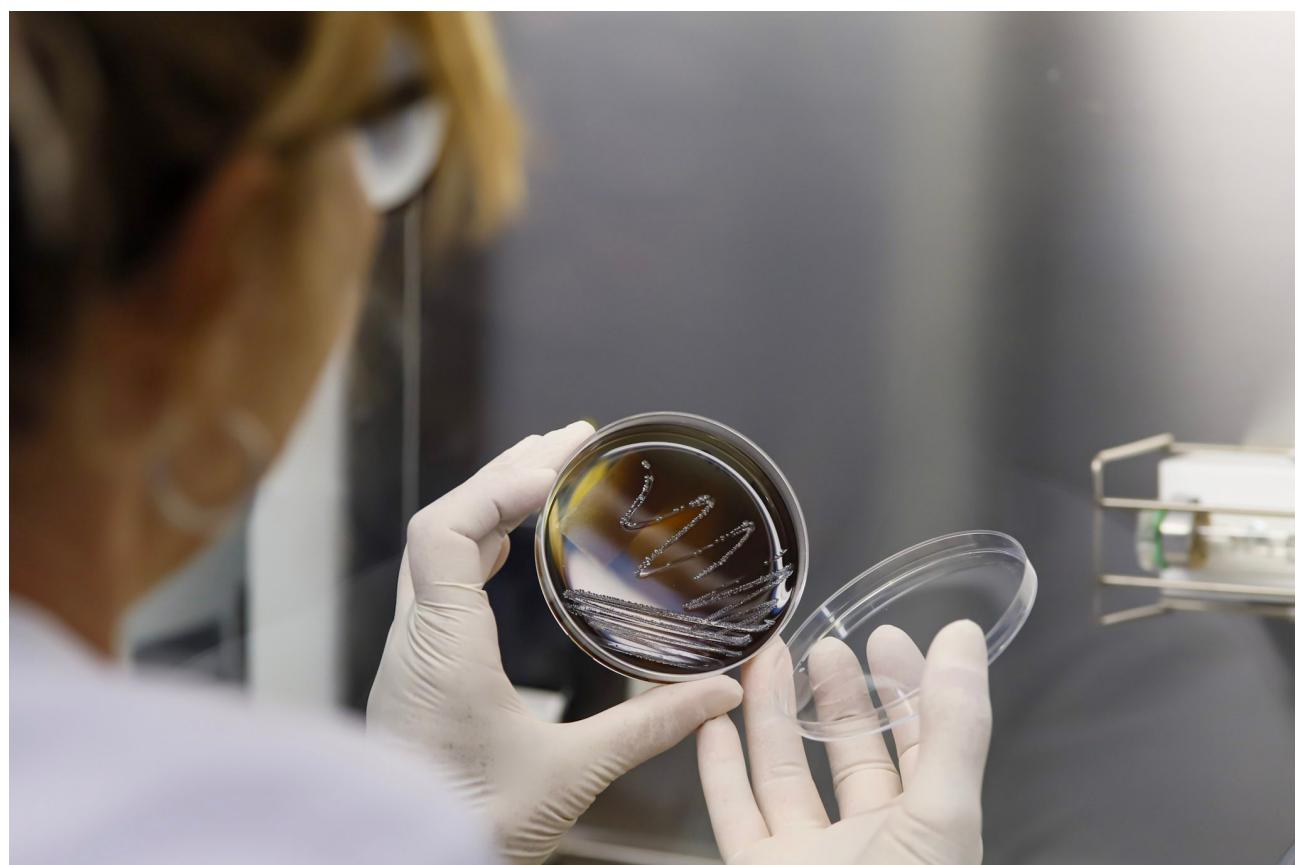


Grafico 3 – Distribuzione dei sierogruppi di appartenenza degli isolati di *L. monocytogenes* di origine umana collezionati nell'anno 2024 nelle regioni Lazio e Toscana



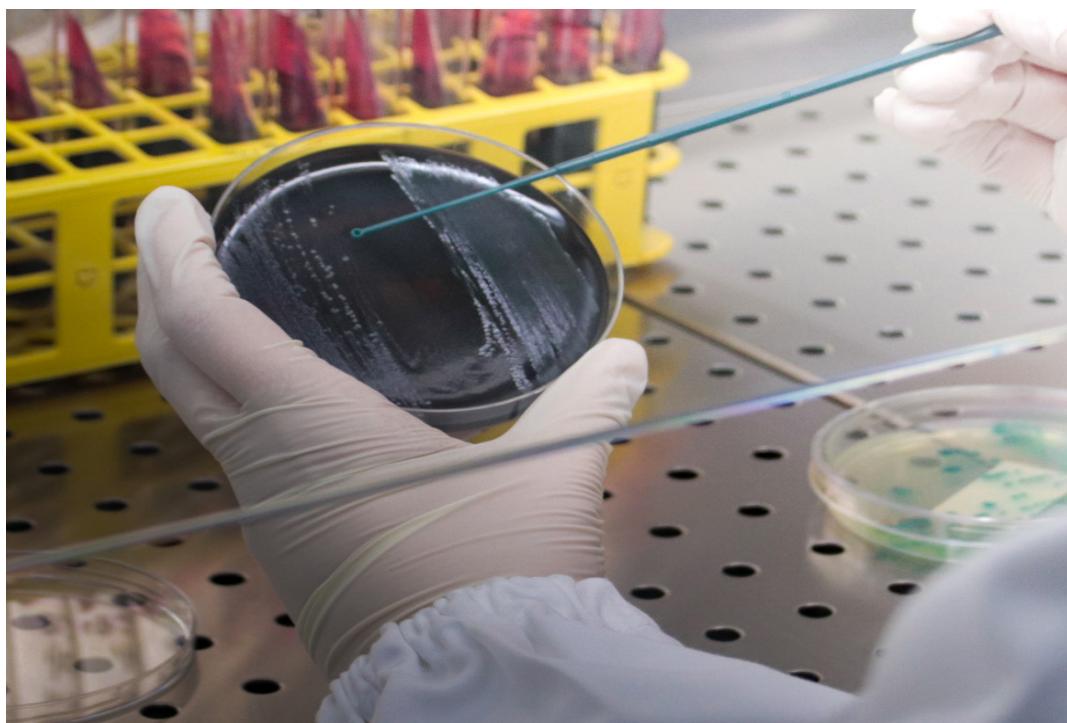
## **Listeria monocytogenes di origine veterinaria**

Nell'anno 2024, sono complessivamente pervenuti al CREP 93 isolati di *L. monocytogenes* di origine veterinaria (36 toscani e 56 laziali), di cui 55 di origine alimentare (Tabella 17), 28 di origine ambientale (Tabella 18) e 9 di origine animale, provenienti da un totale di 45 campioni (alimenti/ organi) e 8 sedute di campionamento ambientale.

La categoria di alimenti più frequentemente positiva per la presenza di *L. monocytogenes* è risultata anche nel 2024 quella dei prodotti e delle preparazioni a base di carne (28 isolati totali di cui 4 da carne di pollame, 16 da carne suina e 8 da carne bovina). Il sierogruppo prevalentemente riscontrato negli alimenti è stato il IIc (Tabella 17) e nell'ambiente il IIb (Tabella 18).

| Matrice                                      | Numero isolati/sierogruppo |          |           |          |           |
|--|----------------------------|----------|-----------|----------|-----------|
|  | IIa                        |          | IIc       | IVb      | Totale    |
| Prodotti/preparazioni a base di carne        | 7                          | 2        | 16        | 3        | 28        |
| Prodotti ittici/preparazioni a base di pesce | 11                         | 1        | -         | 1        | 13        |
| Latte e derivati                             | -                          | -        | -         | 5        | 5         |
| Preparazioni gastronomiche                   | -                          | -        | 6         | -        | 6         |
| Vegetali                                     | 2                          | 1        | -         | -        | 3         |
| <b>Totale</b>                                | <b>20</b>                  | <b>4</b> | <b>22</b> | <b>9</b> | <b>55</b> |

*Tabella 17 - Distribuzione per matrice di provenienza e per sierogruppo degli isolati di *L. monocytogenes* di origine alimentare collezionati nell'anno 2024 nelle regioni Lazio e Toscana*



| Matrice ambientale                          | Numero isolati /sierogruppo |          |           | Totale    |
|---|-----------------------------|----------|-----------|-----------|
|   | IIb                         | IIC      | IVb       |           |
| Pozzetto di scarico/griglia di scolo        | 9                           | 1        | 4         | 14        |
| Lavamani                                    | -                           | 2        | -         | 2         |
| Altre superfici non a contatto con alimenti | 4                           | -        | 1         | 5         |
| Lavandino per lavaggio verdure              | -                           | -        | 1         | 1         |
| Mani operatore                              | -                           | -        | 1         | 1         |
| Altre superfici a contatto con alimenti     | 1                           | -        | 4         | 5         |
| <b>Totale</b>                               | <b>14</b>                   | <b>3</b> | <b>11</b> | <b>28</b> |

Tabella 18 - Distribuzione per sierogruppo degli isolati di *L. monocytogenes* di origine ambientale collezionati nell'anno 2024

I 9 isolati di origine animale provengono tutti da campioni di cervello o tronco encefalico (1 capra, 4 pecore, 1 bovino, 2 volpi e 1 lupo) analizzati in Toscana. Otto ceppi sono risultati appartenenti al sierogruppo IVb ed un ceppo al sierogruppo IIa (cervello di volpe).



# YERSINIA ENTEROCOLITICA 2024

## Yersinia enterocolitica di origine umana

Nell'anno 2024 sono pervenuti al LRPTAU complessivamente 13 ceppi di *Y. enterocolitica* di origine umana relativi a 12 pazienti (Tabella 19). Sono stati inoltre conferiti dal Laboratorio di analisi BIOS di Roma due ceppi appartenenti alle specie *Y. rohdei* e *Y. frederiksenii*.

| Strutture ospedaliere/laboratori              | Numero isolati |
|---|----------------|
| Laboratorio Analisi Bios (RM)                 | 2              |
| Laboratorio Analisi CERBA HC Guidonia (RM)    | 2              |
| Policlinico A. Gemelli (RM)                   | 2              |
| Policlinico Tor Vergata (RM)                  | 2              |
| Policlinico Casilino (RM)                     | 1              |
| Ospedale San Camillo Forlanini (RM)           | 1              |
| Azienda Ospedaliera Universitaria Pisana (PI) | 3              |
| <b>Totale</b>                                 | <b>13</b>      |

Tabella 19 - Strutture conferenti e numero di isolati di *Y. enterocolitica* di origine umana collezionati nell'anno 2024 nelle regioni Lazio e Toscana

La classe d'età maggiormente colpita è stata quella degli adulti (Tabella 20).

| Fascia d'età  | F        | M        | Totale    |
|---------------|----------|----------|-----------|
| 0-24 mesi     | 1        | -        | <b>1</b>  |
| 3-10 anni     | -        | 2        | <b>2</b>  |
| 11-20 anni    | -        | 1        | <b>1</b>  |
| 21-40 anni    | 2        | 1        | <b>3</b>  |
| 41-60         | 2        | -        | <b>2</b>  |
| 61-80         | 1        | 2        | <b>3</b>  |
| n.d.          | 2        | -        | <b>2</b>  |
| <b>Totale</b> | <b>8</b> | <b>6</b> | <b>14</b> |

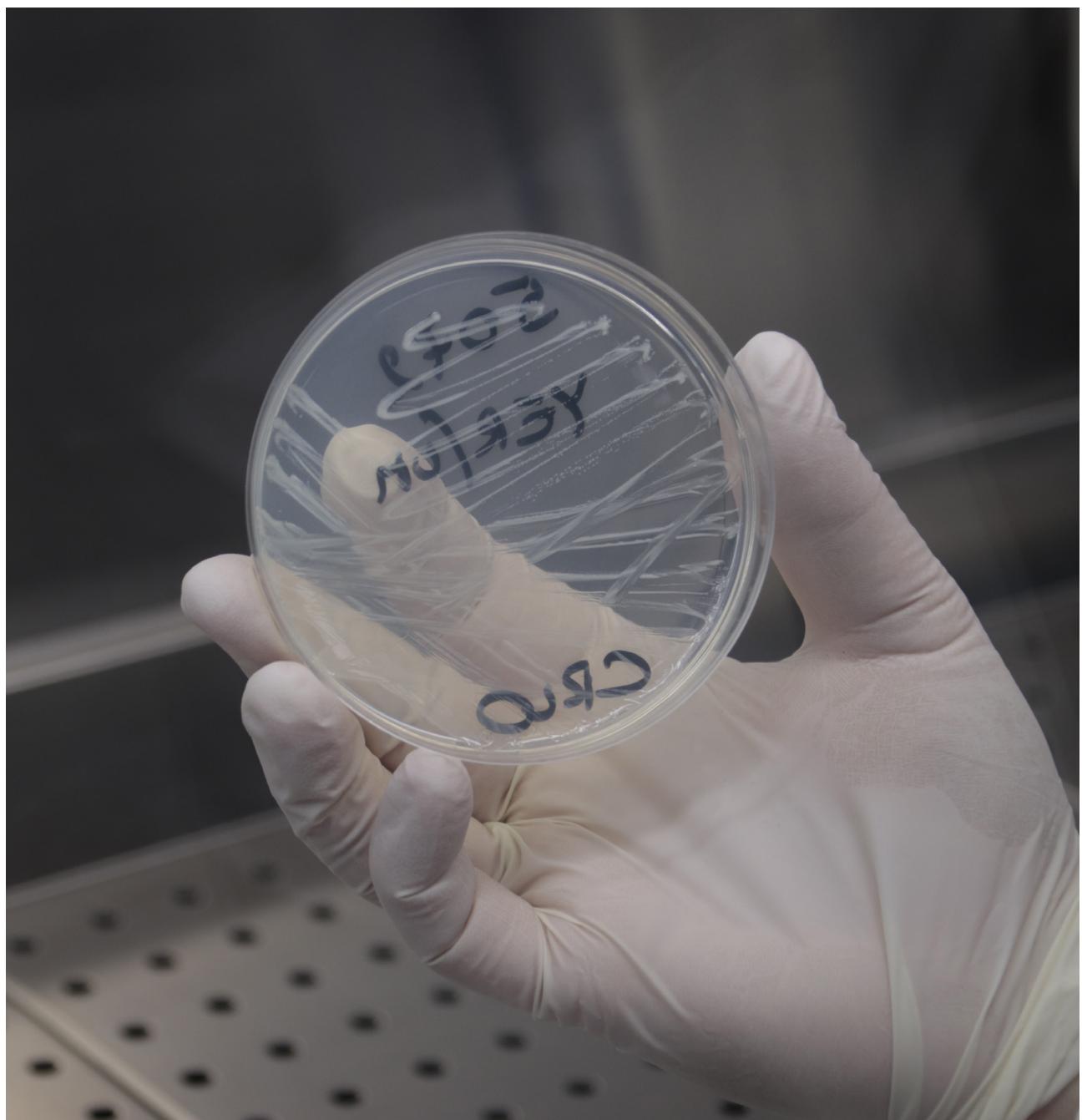
Tabella 20 - Distribuzione per fasce d'età e per sesso dei casi relativi agli isolati *Y. enterocolitica* di origine umana per l'anno 2024 nelle regioni Lazio e Toscana

In tabella 22 è riportata la distribuzione degli isolati per sierogruppo d'appartenenza dei ceppi di *Y. enterocolitica* con relativa positività al gene *Ail*.



| Sierogruppo   | Numero isolati | Positività gene Ail |
|---|----------------|---------------------|
| Sierogruppo O:3                                       | 2              | 2                   |
| Sierogruppo O:5                                       | 3              | -                   |
| Non appartenente ai sierogruppi O1-O2, O3, O5, O8, O9 | 7              | 1                   |
| Non tipizzabile sierologicamente                      | 1              | -                   |
| <b>Totale</b>   | <b>13</b>      | <b>3</b>            |

Tabella 21 - Distribuzione per sierogruppo di appartenenza e positività al gene Ail degli isolati di *Y. enterocolitica* di origine umana per l'anno 2024



## **Yersinia enterocolitica di origine alimentare**

Nel 2024 è stato conferito al CREP 1 ceppo di *Y. enterocolitica* di origine alimentare (isolato da carne di cinghiale), isolato in Toscana, non appartenente ai sierogruppi O1-O2, O3, O5, O8, O9 e negativo per il gene Ail.



# CAMPYLOBACTER 2024

## Campylobacter spp. di origine umana

Nel 2024 sono stati complessivamente raccolti dal LRPTAU 466 isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana con un netto incremento rispetto all'anno precedente (197 isolati nel 2023), prevalentemente appartenenti alla specie *C. jejuni* (91%) (Tabella 22). Si segnala per la Toscana il contributo dell'Azienda Ospedaliera Universitaria Pisana che ha conferito al CRRLm per la tipizzazione complessivamente 6 isolati (Tabella 23). La fascia d'età più colpita per il 2024 risulta quella pediatrica (Tabella 24).

| Specie                           | Numero isolati | %   |
|----------------------------------|----------------|-----|
| <i>Campylobacter jejuni</i>      | 424            | 91  |
| <i>Campylobacter coli</i>        | 40             | 8.6 |
| <i>Campylobacter fetus</i>       | 1              | 0.2 |
| <i>Campylobacter upsaliensis</i> | 1              | 0.2 |
| Totale                           | 466            | 100 |

Tabella 22 - Distribuzione per specie d'appartenenza degli isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana collezionati nel 2024 nel Lazio e nella Toscana

| Strutture                                      | Numero isolati |
|--|----------------|
| Cerba HC Guidonia (RM)                         | 164            |
| Policlinico Casilino (RM)                      | 78             |
| Ospedale Bambino Gesù (RM)                     | 48             |
| Policlinico Gemelli (RM)                       | 38             |
| Laboratori Bios S.P.A. (RM)                    | 38             |
| Laboratorio Caravaggio (RM)                    | 31             |
| Ospedale San Filippo Neri (RM)                 | 24             |
| Ospedale San Camillo Forlanini (RM)            | 12             |
| Policlinico Tor Vergata (RM)                   | 6              |
| Ospedale S. Pertini (RM)                       | 4              |
| Campus Biomedico (RM)                          | 3              |
| Ospedale Sant'Eugenio (RM)                     | 3              |
| Ospedale F. Spaziani (FR)                      | 3              |
| INMI L. Spallanzani (RM)                       | 3              |
| Policlinico Umberto I (RM)                     | 2              |
| A.O. San Giovanni Addolorato (RM)              | 1              |
| Ospedale San Pietro Fatebenefratelli (RM)      | 1              |
| Ospedale di Sora (FR)                          | 1              |
| Ospedale Ospedaliera Universitaria Pisana (PI) | 6              |
| Totale   | 466            |

Tabella 23 – Strutture conferenti e numero di isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana collezionati nell'anno 2024 nel Lazio e nella Toscana

| Fascia età    | Numero iso-lati |
|---------------|-----------------|
| 0-2 anni      | 29              |
| 3-20 anni     | 149             |
| 21-40 anni    | 135             |
| 41-60 anni    | 67              |
| 61-80 anni    | 61              |
| Over 80       | 20              |
| Non noto      | 5               |
| <b>Totale</b> | <b>466</b>      |

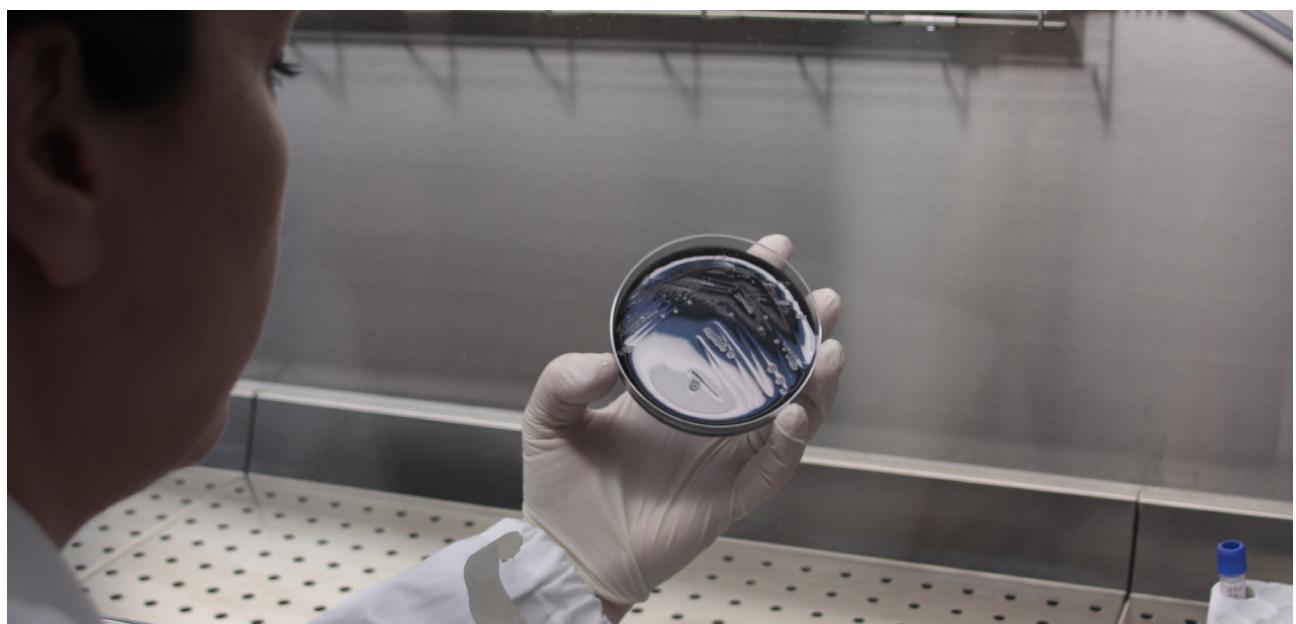
Tabella 24 - Distribuzione per fasce d'età dei casi relativi agli isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana nell'anno 2024 nel Lazio e nella Toscana

## Campylobacter spp. di origine alimentare

Nel corso dell'anno 2024, il CREP ha collezionato complessivamente 9 isolati di *Campylobacter* spp. di origine alimentare principalmente appartenenti alla specie *C. coli* (Tabella 25). Come nell'anno precedente, la carne di pollo è risultata l'unica matrice contaminata da *Campylobacter* spp.

| Specie                      | Numero isolati | %          |
|-----------------------------|----------------|------------|
| <i>Campylobacter jejuni</i> | 3              | 33.3       |
| <i>Campylobacter coli</i>   | 6              | 66.7       |
| <b>Totale</b>               | <b>9</b>       | <b>100</b> |

Tabella 25 – Distribuzione per specie d'appartenenza degli isolati di *Campylobacter* spp. di origine alimentare collezionati nel 2024 nel Lazio e nella Toscana.



# ESCHERICHIA COLI STEC 2024

## Escherichia coli STEC di origine umana

Nel 2024 sono pervenuti al LRPTAU 3 isolati di E. coli STEC di origine umana (Tabella 26).

| Ospedale San Pietro Fatebenefratelli (RM)     | 1 (eae-/vtx1c+/vtx2-/O:78/H:1) |
|---|--------------------------------|
| Policlinico Gemelli (RM)                      | 1 (eae-/vtx1-/vtx2+)           |
| Azienda Ospedaliera Universitaria Pisana (PI) | 1(eae+/vtx1a+/vtx2c+)          |
| Totale  | 3                              |

Tabella 26 – Provenienza, positività per la presenza dei geni dell'intimina (eae) e delle verocitotossine 1 e 2 e sierogruppo di appartenenza degli isolati di E. coli STEC di origine umana per l'anno 2024

## Escherichia coli STEC di origine alimentare

Per l'anno 2024 sono stati collezionati 10 isolati di E. coli STEC di origine alimentare relativi a 5 campioni analizzati nel Lazio (Tabella 27) e 5 campioni analizzati in Toscana (Tabella 28).

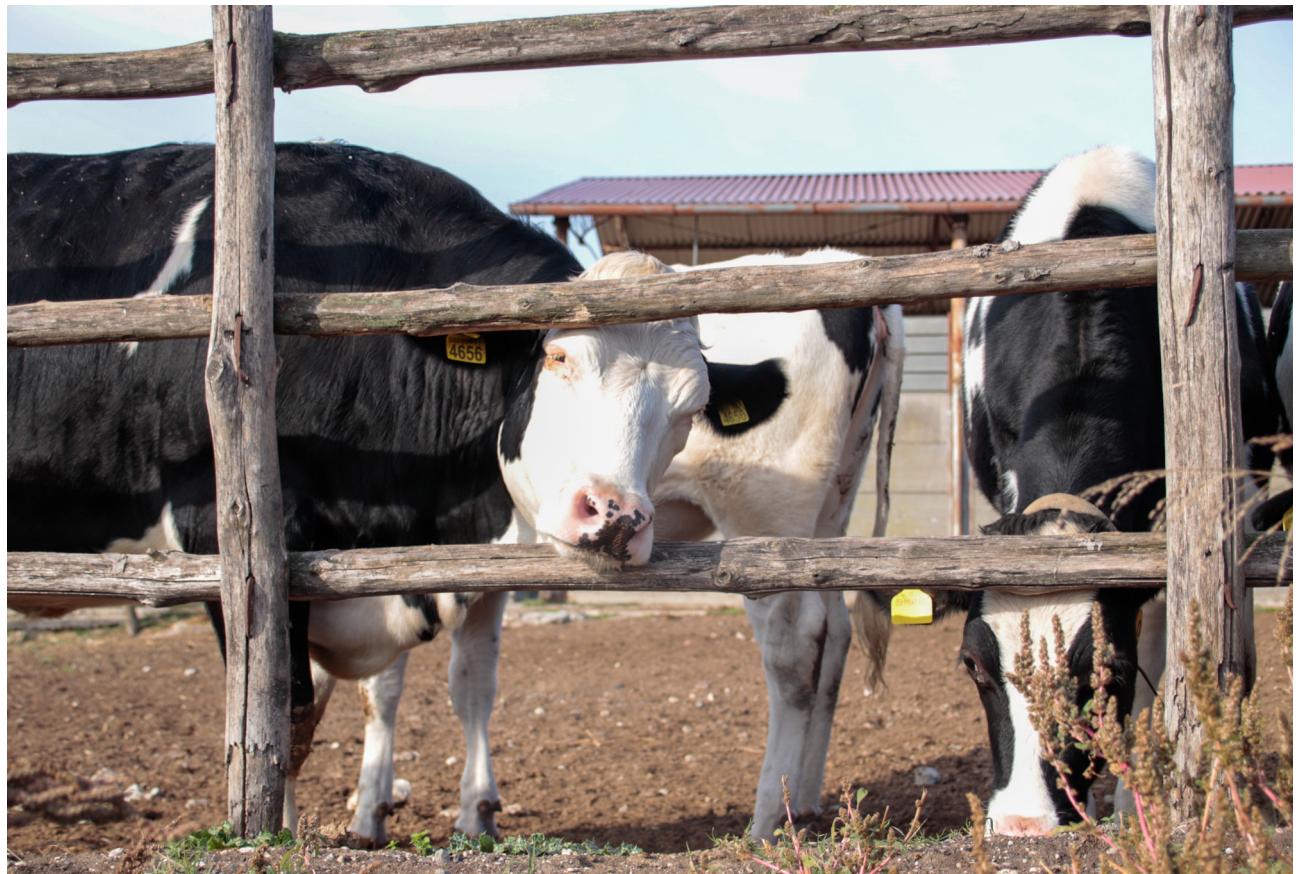
| Hamburger di manzo            | 4 | 1 (eae-/vtx1a+/vtx2a+/O:153/H:25) |
|-------------------------------|---|-----------------------------------|
| Latte di massa caprino        | 1 | 1 (eae-/vtx1c+/vtx2-/H:21)        |
| Latte di massa bovino         | 1 | 1(eae-/vtx1+/vtx2+)               |
| Latte crudo di massa bufalino | 1 | 1(eae-/vtx1+/vtx2+)               |
| Tritato scelto di bovino      | 1 | 1(eae-/vtx1+/vtx2-)               |
| Totale                        | 8 | 5                                 |

Tabella 27 – Matrice di provenienza, positività per la presenza dei geni dell'intimina (eae) e delle verocitotossine 1 e 2 e sierogruppo di appartenenza degli isolati di E. coli STEC di origine alimentare isolati nel Lazio per l'anno 2024



|                     |   |  |
|---------------------|---|--|
|                     |   |  |
| Latte crudo bo-vino | 1 | 1(eae-/vtx1-/vtx2a+/O:130/H:11)              |
| Latte crudo bo-vino | 2 | 1(eae+/vtx1+/vtx2+)<br>1(eae-/vtx1+/vtx2+)   |
| Latte crudo bo-vino | 2 | 1(eae-/vtx1-/vtx2a+)<br>1(eae-/vtx1-/vtx2g+) |
| Totale              | 5 | 5  |

Tabella 28 – Matrice di provenienza, positività per la presenza dei geni dell'intimina (eae) e delle verocitotossine 1 e 2 e sierogruppo di appartenenza degli isolati di *E. coli* STEC di origine alimentare isolati in Toscana per l'anno 2024



# SHIGELLA 2024

Nel corso dell'anno 2024, il LRPTAU ha collezionato complessivamente 9 isolati di *Shigella* spp. di origine umana.

| Specie                   | Laboratorio di provenienza          | Matrice | Numero isolati |  |
|--------------------------|-------------------------------------|---------|----------------|--|
| <i>Shigella flexneri</i> | Ospedale Sant'Eugenio (RM)          | feci    | 1              |  |
|                          | Ospedale S. Pertini (RM)            | feci    | 2              |  |
|                          | INMI L. Spallanzani (RM)            | n.d.    | 1              |  |
|                          | Laboratorio Bios Bracciano (RM)     | urine   | 1              |  |
| <i>Shigella sonnei</i>   | Laboratorio Bios S.P.A. (RM)        | feci    | 1              |  |
|                          | Laboratorio Machiavelli (RM)        | feci    | 1              |  |
|                          | Ospedale San Camillo Forlanini (RM) | feci    | 1              |  |
| <i>Shigella boydii</i>   | Ospedale Sant'Eugenio (RM)          | urine   | 1              |  |
| Totale                   |                                     |         | 9              |  |

Tabella 29 - Isolati di *Shigella* spp. di origine umana ripartiti per specie di appartenenza collezionati presso il LRPTAU nel 2024

Non risultano isolamenti di *Shigella* spp. da alimenti per l'anno 2024.



# VIBRIO 2024

Nel corso dell'anno 2024, il LRPTAU ha collezionato due ceppi di origine umana di *V. parahaemolyticus* isolati da feci presso il Policlinico Gemelli, entrambi positivi per i geni di virulenza *toxR* e *trh*. Il medesimo laboratorio ha ricevuto 3 isolati di origine umana di *V. cholerae* non appartenenti ai sierogruppi O1-O139. Due degli isolati provenivano da ospedali del Lazio (Policlinico Gemelli e INMI L. Spallanzani) e uno, analizzato dal CRRLm, dalla Toscana (Azienda USL Toscana Nord Ovest). Quest'ultimo è risultato positivo per la presenza del gene *toxR*, negativo per il gene della tossina colerica (*Ctx*), sia nella sua forma classica che nella variante haitiana e negativo per i sierotipi O1 e O139 (Tabella 30).

Per l'anno 2024 non risultano isolamenti di *Vibrio* spp. da alimenti per il Lazio, mentre per la Toscana (UOT Toscana Nord) risultano un ceppo di *V. cholerae* ed uno di *V. parahaemolyticus* isolati da alimenti (cozze e vongole). Il ceppo di *V. cholerae* (isolato da lupini) è risultato positivo per il gene *prVC* e per il gene *VC-toxR* e negativo per i geni *STN/STO*, *ctxA* e *tcpA*, mentre il *V. parahaemolyticus* (isolato da mitili) è risultato positivo per *ToxR* e negativo per *tdh* e *trh* (Tabella 31).

| Specie                    | Laboratorio di provenienza       | (geni/sierogruppo)   | Matrice         | Numero isolati |  |
|---------------------------|----------------------------------|--|-----------------|----------------|--|
| <i>V.cholerae</i>         | Lab. analisi Ospedale di Livorno | <i>toxR+</i> , O1/O139 -, <i>STN/STO</i> -, <i>ctxA-</i> , <i>tcpA</i> - | Tampone cutaneo | <b>1</b>       |  |
|                           | Policlinico Gemelli              | O1/O139 -, <i>ctxA</i> -   | feci            | <b>1</b>       |  |
|                           | INMI Spallanzani                 | O1/O139 -, <i>ctxA</i> -   | feci            | <b>1</b>       |  |
| <i>V.parahaemolyticus</i> | Policlinico Gemelli              | <i>toxR+</i> , <i>trh+</i> , <i>tdh+</i>                                 | feci            | <b>1</b>       |  |
|                           |                                  | <i>toxR+</i> , <i>trh+</i> , <i>tdh-</i>                                 | feci            | <b>1</b>       |  |
| Totale                    |                                  |  |                 | 5              |  |

Tabella 30 - Isolati di *Vibrio* spp. di origine umana ripartiti per specie di appartenenza collezionati presso il LRPTAU e CRRLm nel 2024.

|                           |        |  |          |
|---------------------------|--------|--|----------|
|                           |        |  |          |
| <i>V.cholerae</i>         | Lupini | <i>toxR+</i> , O1/O139 -, <i>STN/STO</i> -, <i>ctxA-</i> , <i>tcpA</i> - | <b>1</b> |
| <i>V.parahaemolyticus</i> | Mitili | <i>toxR+</i> , <i>tdh-</i> , <i>trh</i> -                                | <b>1</b> |
| Totale                    |        |  | <b>2</b> |

Tabella 31 - Isolati di *Vibrio* spp. di origine alimentare ripartiti per specie di appartenenza e matrice di provenienza isolati e collezionati presso il CRRLm nel 2024.

# APPENDICE - Dati dall'Europa: il Rapporto EFSA/ECDC sulle zoonosi in Europa 2023

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 2023.

Nel 2023 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 2022. Le infezioni sostenute da *Escherichia coli* produttori di Shiga-tossine (STEC) rientrano al terzo posto nelle zoonosi maggiormente diagnosticate nell'uomo, seguite dalla yersiniosi e dalla listeriosi.

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.

Per tutte le zoonosi, ad eccezione dell'infezione da virus della West Nile e della tubercolosi causata da *Micobacterium bovis* e *M. caprae*, si è registrato un aumento del numero di casi e dei tassi di notifica nel 2023, rispetto al 2022. Gli aumenti maggiori del tasso di notifica sono stati registrati per la trichinellosi (+94,0%), la tularemia (+89,3%) e l'infezione da STEC (+30,0%), mentre per l'infezione da virus della West Nile acquisita localmente il tasso di notifica è diminuito del 37,2% rispetto al 2022. Anche per salmonellosi (+16,9%), brucellosi (+14,1%), yersiniosi (+13,5%) e febbre Q (+11,5%) è stato osservato un notevole aumento (> 10,0%) del tasso di notifica.

In UE il numero dei focolai di tossinfezioni alimentari è stato stabile nel 2023 (N = 5.691) rispetto al 2022 (N = 5.763), con una differenza relativa del -1,7%. Tuttavia, nel 2023 il numero di casi totali, delle ospedalizzazioni e delle morti è stato più elevato rispetto al 2022, rispettivamente del 7,2%, del 4,0% e dell'1,6%.

## Dati sulle zoonosi umane nel 2023

Il numero di casi umani confermati di zoonosi riportato nel 2023 è schematizzato in Tabella A1. Nel 2023 la campylobatteriosi rappresenta la zoonosi maggiormente riscontrata, come ogni anno dal 2005. Essa costituisce il 58,9% di tutti i casi umani segnalati e confermati nel 2023 ed è seguita da salmonellosi, infezioni da STEC, yersiniosi e listeriosi, in quest'ordine di frequenza. Nell'ambito delle malattie emergenti e trasmesse da vettori (EVD), la tularemia è stata la più frequentemente segnalata, seguita dalla febbre Q e dall'infezione da virus della West Nile. È stato segnalato anche un caso importato di rabbia dal Marocco. Per quel che concerne i casi di MTA associati a focolai, *Salmonella* ha registrato il maggior numero di infezioni e focolai, seguita da Norovirus (e altri calicivirus) e tossine da *Bacillus cereus*.

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 96,5% e 78,1%) e letalità (rispettivamente 19,7% e 11,2%). Considerando, invece, il numero assoluto di morti, la listeriosi si conferma in testa alle statistiche con 335 decessi, seguita dalla salmonellosi (N=88) e dalla West nile (N=75).

| Disease   | Surveillance data on human cases (source: ECDC) |                  |                            |  |                   |                            |                          |      |    |     | Food-borne outbreaks (source: EFSA) |                |       |   |      |    |      |
|---|---|------------------|----------------------------|--|-------------------|----------------------------|--------------------------|------|----|-----|-------------------------------------|----------------|-------|---|------|----|------|
|   | Confirmed human cases                           | Hospitalisations |                            |  |                   | Deaths                     |                          |      |    |     |                                     | Outbreaks      | Cases | Hospitalisations and proportion of hospitalised cases |      |    |      |
|   |   | Status available | Reporting MSs <sup>a</sup> | Cases and proportion of hospitalised cases | Outcome available | Reporting MSs <sup>a</sup> | Deaths and case fatality | N    | %  | N   | %                                   |                |       | N   | %    | N  | %    |
| Campylobacteriosis  | 148,181   | 50,955           | 34.4                       | 14   | 12,194            | 23.9                       | 83,180                   | 56.1 | 16 | 44  | 0.05                                | 229            | 1174  | 90  | 7.7  | 0  | 0    |
| Salmonellosis   | 77,486  | 36,129           | 46.6                       | 17   | 14,801            | 41.0                       | 44,911                   | 58.0 | 17 | 88  | 0.20                                | 1115           | 9210  | 1726  | 18.7 | 16 | 0.17 |
| STEC infections   | 10,217  | 3285             | 32.2                       | 17   | 1234              | 37.6                       | 7819                     | 76.5 | 22 | 31  | 0.40                                | 66             | 270   | 48  | 17.8 | 1  | 0.37 |
| Yersiniosis   | 8738  | 2554             | 29.2                       | 15   | 651               | 25.5                       | 4222                     | 48.3 | 15 | 1   | 0.02                                | 17             | 73    | 9   | 12.3 | 0  | 0    |
| Listeriosis   | 2952  | 1551             | 52.5                       | 18   | 1497              | 96.5                       | 1701                     | 57.6 | 19 | 335 | 19.7                                | 19             | 133   | 84  | 63.2 | 11 | 8.3  |
| Tularaemia  | 1185  | 217              | 18.3                       | 12   | 105               | 48.4                       | 325                      | 27.4 | 11 | 2   | 0.62                                | 0              | 0     | 0   | 0    | 0  | 0    |
| Echinococcosis  | 929   | 406              | 43.7                       | 15   | 153               | 37.7                       | 563                      | 60.6 | 15 | 3   | 0.53                                | 0              | 0     | 0   | 0    | 0  | 0    |
| Q fever   | 805   | NA               | NA                         | NA   | NA                | NA                         | 554                      | 68.8 | 14 | 4   | 0.72                                | 0              | 0     | 0   | 0    | 0  | 0    |
| West Nile virus infection <sup>b</sup>                    | 713   | 365              | 51.2                       | 5  | 285               | 78.1                       | 669                      | 93.8 | 6  | 75  | 11.2                                | NA             | NA    | NA  | NA   | NA | NA   |
| Brucellosis   | 259   | 102              | 39.4                       | 12   | 58                | 56.9                       | 101                      | 39.0 | 13 | 0   | 0                                   | 0              | 0     | 0   | 0    | 0  | 0    |
| Tuberculosis caused by <i>M. bovis</i> , <i>M. caprae</i> | 138   | NA               | NA                         | NA   | NA                | NA                         | NA                       | NA   | NA | NA  | NA                                  | 1 <sup>c</sup> | 3     | 0   | 0    | 0  | 0    |
| Trichinellosis  | 76  | 56               | 73.7                       | 6  | 14                | 25.0                       | 42                       | 55.3 | 6  | 0   | 0                                   | 3              | 31    | 5   | 16.1 | 0  | 0    |
| Rabies <sup>d</sup>                                       | 1   | 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 2023 (fonte: The European Union One Health 2023 Zoonoses Report)

## Campylobacter in Europa nel 2023

### Campylobacter spp. nell'uomo

La campylobatteriosi è stata l'infezione gastrointestinale a trasmissione alimentare più comunemente segnalata all'interno dell'UE. Nel 2023, ci sono stati 148.181 casi confermati di campylobatteriosi umana, corrispondenti a un tasso di notifica dell'Unione Europea di 45,7 casi per 100.000 abitanti. Si tratta di un aumento del 4,3% rispetto al tasso di notifica del 2022 (43,8 per 100.000 abitanti). Il trend complessivo per la campylobatteriosi in UE nel periodo 2019-2023 non ha evidenziato una crescita o una flessione statisticamente significative.

Nella maggior parte dei casi ad origine nota (95,0%) l'infezione è stata contratta nel territorio UE, in calo rispetto al dato del 2022 (96,1%), ma più elevato rispetto al tasso medio (94,4%) dell'anno pre-pandemico 2019.

Nel 2023, in totale, sono stati segnalati all'EFSA 229 focolai causati da *Campylobacter*, che hanno condotto a 1.174 casi di malattia, 90 ricoveri e nessun decesso. 27 dei 229 focolai sono stati registrati come "a forte evidenza" e 202 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" (15 focolai), "altre carni rosse o miste e prodotti derivati" (3 focolai), "formaggi", "uova e loro derivati", "pesce e suoi derivati", "altre carni non specificate e loro derivati", "latte", "alimenti misti", "altro pollame, pollame non specificato, pollame misto e loro derivati", "carni suine e loro derivati", "carne di tacchino e suoi derivati" (1 focolaio per categoria).

## Campylobacter spp. negli alimenti

Nel 2023 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. 15 SM hanno riferito 6.686 risultati di test provenienti da controlli ufficiali, con il 16,0% di campioni positivi al *Campylobacter* che superano il limite di 1000 UFC/g. 20 SM e il Regno Unito (Irlanda del Nord) hanno riportato 61.591 risultati di test derivanti dal monitoraggio degli operatori del settore alimentare, con il 15,8% di campioni positivi al *Campylobacter* che superavano il limite di 1000 UFC/g. 11 SM hanno riportato i risultati di entrambi i campionatori, mostrando che il numero di campioni che superavano il limite era significativamente più alto nei campioni ufficiali (16,6%) rispetto ai controlli in proprio (9,0%).

Nel 2023 11 SM hanno segnalato la positività a *Campylobacter* nello 0,13% dei 3.070 campioni di alimenti “Ready to Eat” (RTE) prelevati, appartenenti alle categorie “ostriche” e “alimenti RTE non specificati”. Delle 8.588 unità campionarie di alimenti “non pronti al consumo” il 14,2% è risultato positivo secondo le segnalazioni di 15 SM, con il più alto tasso di contaminazione (15,5%) 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 21,6% e 19,4%.

## Campylobacter spp. negli animali

Nel 2023 *Campylobacter* spp. è stato identificato in differenti specie animali da 16 SM e il Regno Unito (Irlanda del Nord) e 3 Stati non-membri. La maggior parte delle unità testate nell'UE proveniva da broiler (N=6.627), cani e gatti (N=6.301) e bovini (N=5.939), con tassi di positività rispettivamente del 4,6%, 1,4% e 6,8%. Un numero minore di campioni è stato analizzato per i suini (N=2.055) e i piccoli ruminanti (N=2.935), ma sono state osservate percentuali più elevate di positività, rispettivamente del 72,3% e del 7,2%.



## Human cases [EU, 2023]

Notification rate  
(per 100,000 population)

45.7

Trend  
(2019-2023)

Increasing  
Decreasing  
Stable

148,181 Cases of illness

82,133 Infections acquired in the EU

12,194 Hospitalisations (23.9%)\*

4339 Infections acquired outside the EU

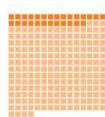
44 Deaths (0.05%)\*

61,709 Unknown travel status or unknown country of infection

\* The percentages are calculated on the number of cases with information available (for further details see Table 2)

ECDC data

## Foodborne outbreaks & related cases [EU, 2023]



229

Foodborne outbreaks

27

Strong-evidence outbreaks

202

Weak-evidence outbreaks

1174

Cases of illness

90

Hospitalisations (7.7%)\*

\* The percentages are calculated on the number of cases with information available (for further details see Table 2)

### N of outbreaks

### N of outbreaks per 100,000 population \*\*

### N of outbreak cases per 100,000 population

|                 |    |    |       |    |       |
|-----------------|----|----|-------|----|-------|
| Austria         | 12 | AT | 0.132 | AT | 0.286 |
| Belgium         | 4  | BE | 0.034 | BE | 0.085 |
| Bulgaria        | 0  | BG | 0     | BG | 0     |
| Croatia         | 3  | HR | 0.078 | HR | 0.156 |
| Cyprus          | 0  | CY | 0     | CY | 0     |
| Czechia         | 0  | CZ | 0     | CZ | 0     |
| Denmark         | 11 | DK | 0.185 | DK | 2.174 |
| Estonia         | 1  | EE | 0.073 | EE | 0.146 |
| Finland         | 0  | FI | 0     | FI | 0     |
| France          | 63 | FR | 0.092 | FR | 0.635 |
| Germany         | 42 | DE | 0.050 | DE | 0.145 |
| Greece          | 10 | EL | 0.096 | EL | 0.288 |
| Hungary         | 0  | HU | 0     | HU | 0     |
| Ireland         | 0  | IE | 0     | IE | 0     |
| Italy           | 15 | IT | 0.025 | IT | 0.088 |
| Latvia          | 0  | LV | 0     | LV | 0     |
| Lithuania       | 2  | LT | 0.070 | LT | 0.140 |
| Luxembourg      | 0  | LU | 0     | LU | 0     |
| Malta           | 15 | MT | 2.767 | MT | 6.457 |
| Netherlands     | 7  | NL | 0.039 | NL | 0.191 |
| Poland          | 2  | PL | 0.005 | PL | 0.035 |
| Portugal        | 0  | PT | 0     | PT | 0     |
| Romania         | 0  | RO | 0     | RO | 0     |
| Slovakia        | 10 | SK | 0.184 | SK | 1.216 |
| Slovenia        | 0  | SI | 0     | SI | 0     |
| Spain           | 29 | ES | 0.060 | ES | 0.424 |
| Sweden          | 3  | SE | 0.029 | SE | 0.076 |
| UK (N. Ireland) | 0  | XI | 0     | XI | 0     |

### Implicated food vehicles (Strong-evidence outbreaks)

#### Top food vehicles



Broiler meat (*Gallus gallus*) and products thereof

15 Outbreaks



Other or mixed red meat and products thereof

3 Outbreaks

Cheese

Eggs and egg products

Fish and fish products

Meat and meat products, unspecified

Milk

Mixed food

Other, mixed or unspecified poultry meat and products thereof

Pig meat and products thereof

Turkey meat and products thereof

1 Outbreak (each)

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

EFSA data

**Figura 1: *Campylobacter* nell'UE nel 2023 (fonte: The European Union One Health 2023 Zoonoses Report)**

# Salmonella in Europa nel 2023

## Salmonella spp. nell'uomo

La salmonellosi è stata la seconda infezione gastroenterica di origine alimentare maggiormente segnalata nell'uomo dopo la campylobatteriosi negli SM dell'UE.

Nel 2023 sono stati confermati 77.486 casi di salmonellosi umana, con un tasso di notifica all'UE di 18,0 casi ogni 100.000 abitanti. Si tratta di un aumento del 16,9% rispetto al tasso del 2022 (15,4 casi per 100.000 abitanti). La tendenza generale per la salmonellosi nel periodo 2019-2023 non ha evidenziato incrementi o flessioni statisticamente significativi.

Nel 2023 la percentuale di casi di ospedalizzazione è stata del 41,0%, in leggero aumento rispetto al 2022, con un tasso di letalità pari allo 0,20%, simile a quello dell'anno precedente.

I sierotipi di *Salmonella* maggiormente isolati nel totale delle infezioni umane sono risultati i seguenti: *S. Enteriditis* (70,8%), *S. Typhimurium* (8,9%), *S. Typhimurium monofasica* (1,4,[5],12:i:-) (5,1%), *S. Infantis* (2,0%) e *S. Coeln* (0,77%).

Nel 2023, complessivamente, sono stati segnalati da 23 SM e da 1 Stato non-membro (Irlanda del Nord) 1.115 focolai di salmonellosi umana di origine alimentare, che hanno condotto a 9.210 casi di malattia, 1.726 ricoveri e 16 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" (83 focolai), "alimenti misti" (65 focolai), "carne di pollo (*Gallus gallus*) e suoi derivati" (30 focolai), "prodotti da forno" (17 focolai) e "carne e prodotti a base di carne, non specificati" (10 focolai).

## Salmonella spp. negli alimenti

Nel 2023 in 23 SM e 1 Stato non-membro (Irlanda del Nord) sono state prelevate complessivamente 86.115 unità campionarie da alimenti RTE, con una percentuale di positività a *Salmonella* molto bassa (0,25%). Nella categoria RTE i tassi maggiori di positività sono stati riscontrati nei campioni di "germogli (semi germogliati)" (1,4%). Per quel che concerne la categoria degli alimenti "non pronti al consumo", in 28 SM sono state prelevate 478.743 unità campionarie, con una percentuale di positività a *Salmonella* del 2,2%; in particolare i tassi di positività più alti sono stati registrati nei campioni di "carne e prodotti a base di carne di tacchino" (4,3%), e di "carne e prodotti a base di carne di pollo" (4,1%).

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 (18,9%), polli (17,8%), suini (4,1%), capre (3,5%), bovini (1,4%) e pecore (1,4%).

## Salmonella spp. negli animali

Nel 2023, all'interno del contesto dei programmi di controllo di *Salmonella*, 15 SM e il Regno Unito (Irlanda del Nord) hanno raggiunto gli obiettivi di riduzione per le specie avicole, evento che rappresenta un peggioramento rispetto agli anni precedenti. Tali obiettivi di riduzione non sono stati centrati da 3 SM per i riproduttori della specie *Gallus gallus*, da 7 SM per le galline ovaiole e 2 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.

Nel periodo a lungo termine (2007–2023), è stata osservata una significativa riduzione della prevalenza di stabilimenti positivi ai sierotipi rilevanti di *Salmonella* a livello dell'Unione Europea, in popolazioni di galli riproduttori, galline ovaiole e polli da carne. Tuttavia, nel breve periodo (2019–2023), non sono emerse tendenze significative – né aumenti né diminuzioni – in nessuna delle popolazioni avicole. Per quanto riguarda *Salmonella* spp., è stata identificata una riduzione significativa della prevalenza a livello di allevamenti di pollame nell'Unione Europea, ma solo nelle galline ovaiole durante il periodo a lungo termine.

*S. Enteriditis* è stato il sierotipo maggiormente segnalato nelle popolazioni di galline ovaiole e il terzo più diffuso sia negli allevamenti di broiler sia di bovini da carne. *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*.

## Human cases [EU, 2023]

Notification rate  
(per 100,000 population)

18.0

Trend  
(2019-2023)

Increasing  
Decreasing  
Stable

77,486 Cases of illness

46,548 Infections acquired in the EU

14,801 Hospitalisations (41.0%)\*

4768 Infections acquired outside the EU

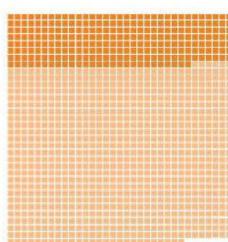
88 Deaths (0.20%)\*

26,170 Unknown travel status or unknown country of infection

\* The percentages are calculated on the number of cases with information available (for further details see Table 2)

ECDC data

## Foodborne outbreaks & related cases [EU, 2023]



1115

Foodborne outbreaks

258

Strong-evidence outbreaks

857

Weak-evidence outbreaks

9210

Cases of illness

1726

Hospitalisations (18.7%)\*

16 Deaths (0.17%)\*

\* The percentages are calculated on the number of cases with information available (for further details see Table 2)

N of outbreaks

N of outbreaks  
per 100,000 population \*\*

N of outbreak cases  
per 100,000 population

Implicated food vehicles  
(Strong-evidence outbreaks)

|                 |     |    |       |
|-----------------|-----|----|-------|
| Austria         | 21  | AT | 0.231 |
| Belgium         | 7   | BE | 0.060 |
| Bulgaria        | 0   | BG | 0     |
| Croatia         | 25  | HR | 0.649 |
| Cyprus          | 0   | CY | 0     |
| Czechia         | 17  | CZ | 0.157 |
| Denmark         | 18  | DK | 0.303 |
| Estonia         | 6   | EE | 0.439 |
| Finland         | 1   | FI | 0.018 |
| France          | 143 | FR | 0.210 |
| Germany         | 74  | DE | 0.088 |
| Greece          | 37  | EL | 0.355 |
| Hungary         | 12  | HU | 0.125 |
| Ireland         | 5   | IE | 0.095 |
| Italy           | 60  | IT | 0.102 |
| Latvia          | 5   | LV | 0.266 |
| Lithuania       | 8   | LT | 0.280 |
| Luxembourg      | 0   | LU | 0     |
| Malta           | 10  | MT | 1.845 |
| Netherlands     | 14  | NL | 0.079 |
| Poland          | 269 | PL | 0.732 |
| Portugal        | 0   | PT | 0     |
| Romania         | 5   | RO | 0.026 |
| Slovakia        | 120 | SK | 2.210 |
| Slovenia        | 1   | SI | 0.047 |
| Spain           | 252 | ES | 0.524 |
| Sweden          | 4   | SE | 0.038 |
| UK (N. Ireland) | 1   | XI | 0.052 |

|    |       |
|----|-------|
| AT | 1.549 |
| BE | 0.324 |
| BG | 0     |
| HR | 3.090 |
| CY | 0     |
| CZ | 4.683 |
| DK | 3.287 |
| EE | 2.709 |
| FI | 1.348 |
| FR | 1.707 |
| DE | 0.759 |
| EL | 1.988 |
| HU | 4.958 |
| IE | 0.474 |
| IT | 0.573 |
| LV | 5.682 |
| LT | 0.945 |
| LU | 0     |
| MT | 7.748 |
| NL | 1.319 |
| PL | 5.934 |
| PT | 0     |
| RO | 0.362 |
| SK | 8.750 |
| SI | 0.945 |
| ES | 4.136 |
| SE | 0.960 |
| XI | 0.105 |

Top food vehicles

Eggs and eggs products  
83 Outbreaks

Mixed food  
65 Outbreaks

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

Bakery products  
17 Outbreaks

Meat and meat products,  
unspecified  
10 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 2023 (fonte: The European Union One Health 2023 Zoonoses Report)

# Listeria monocytogenes in Europa nel 2023

## Listeria monocytogenes nell'uomo

Nel 2023 27 SM hanno confermato all'ECDC 2.952 casi invasivi umani di infezione da Listeria monocytogenes, che hanno condotto a 1.497 ricoveri e a 335 decessi nell'UE.

Il tasso di notifica all'UE è stato di 0,66 casi ogni 100.000 abitanti, in aumento del 5,8% rispetto al 2022 (0,63 casi ogni 100.000 abitanti), che rappresenta quello più alto mai registrato dal 2007. Complessivamente, l'andamento della malattia in UE durante il periodo 2019-2023 non ha evidenziato incrementi o flessioni statisticamente significativi.

Il tasso di letalità in UE è stato elevato (19,7%), maggiore di quelli registrati nel 2022 e nel 2021 (rispettivamente 18,1% e 13,7%).

Nel 2023 in UE sono stati registrati 19 focolai di listeriosi di origine alimentare (8 "a forte evidenza" e 11 "a debole evidenza"), i quali hanno coinvolto 8 SM e hanno causato 133 casi di malattia, 84 ricoveri e 11 decessi. I veicoli alimentari di infezione maggiormente implicati nei focolai "a forte evidenza" sono stati: "carne di suino e suoi derivati" (3 focolai), "pesce e prodotti della pesca" (2 focolai), "verdure, succhi e loro derivati" (1 focolaio), "latte" (1 focolaio) e "formaggi" (1 focolaio).

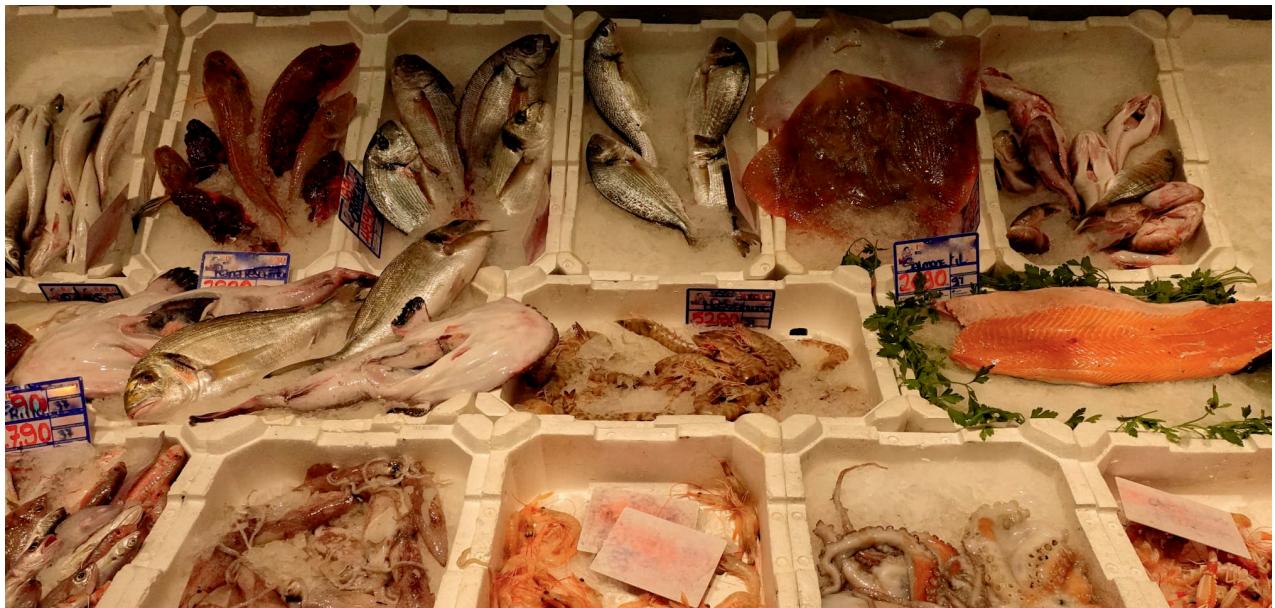
## Listeria monocytogenes negli alimenti

Nel 2023, nei siti di produzione e distribuzione, 25 SM hanno testato 186.997 campioni di diverse categorie di alimenti RTE per L. monocytogenes. Si è registrata una forte diminuzione dei campioni inviati, dovuta principalmente all'assenza di dati dalla Polonia, che in precedenza aveva dato un contributo importante.

Alla distribuzione la percentuale di unità campionarie, testate da parte delle Autorità Competenti 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 6 delle 10 categorie di alimenti RTE attenzionate. La percentuale più alta di campioni positivi (14,8%) è stata riscontrata nei "prodotti a base di carne, salsicce fermentate". Per i "formaggi a pasta dura", i "prodotti a base di carne, diversi dalle salsicce fermentate" e il "pesce", le percentuali di campioni positivi erano relativamente basse (rispettivamente 1,8%, 1,4% e 1,1%). Nell'ambito dei campioni positivi, la percentuale di campioni che eccedevano le 100 UFC/g era pari a zero o costantemente da rara (<0,1%) a molto bassa (0,1%-1%) in tutte le categorie di alimenti RTE, ma la percentuale più alta (0,78%) è stata registrata per i "prodotti a base di carne, salsicce fermentate".

Alla produzione, nel medesimo contesto del Regolamento (CE) n. 2073/2005, le percentuali di singoli campioni positivi a L. monocytogenes sono state pari a zero o sono rimaste da rare (< 0,1%) a molto basse (0,1%-1,0%) in 4 delle 8 categorie di alimenti RTE attenzionati. Per i "prodotti della pesca", il "pesce" e i "formaggi a pasta molle e semi-molle", le percentuali di campioni positivi erano basse (rispettivamente 1,8%, 1,4% e 1,3%). Queste percentuali erano più alte nella fase di produzione che in quella di distribuzione in tutte le categorie di alimenti "pronti al consumo", tranne che per i "prodotti di origine carnea diversi dalle salsicce fermentate", dove la percentuale era più bassa (0,9%) rispetto alla fase di distribuzione (1,4%). Non è stata rilevata alcuna presenza di L. monocytogenes nel "latte", inteso come RTE, in nessuna fase.

Nel contesto di attività di monitoraggio, 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 rari (<0,1%) o molto bassi (0,1%-1%) per tutte le categorie di alimenti. I valori complessivi di positività più alti (compresi tra il 2% e il 10%) sono stati segnalati nelle categorie “pesce e prodotti della pesca”, “prodotti a base di carne di bovino e suino”, “frutta e verdura” e “formaggi a base di latte crudo o poco trattato termicamente”.

## **Listeria monocytogenes negli animali**

Nella fase di produzione primaria, la percentuale di unità campionarie positive è risultata molto bassa nei suini (0,26%) e bassa nei piccoli ruminanti (ovini e caprini) e nei bovini (rispettivamente 4,2% e 1,5%), 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.



## Human cases [EU, 2023]

Notification rate  
(per 100,000 population)

0.66

Trend  
(2019-2023)



↑ Increase  
↓ Decrease  
↔ Stable

2952 Cases of illness

2031 Infections acquired in the EU

8 Infections acquired outside the EU

913 Unknown travel status or unknown country of infection

1497 Hospitalisations (96.5%)\*

335 Deaths (19.7%)\*

\* The percentages are calculated on the number of cases with information available (for further details see Table).

ECDC data

## Foodborne outbreaks & related cases [EU, 2023]

19 Foodborne outbreaks

8 Strong-evidence outbreaks

11 Weak-evidence outbreaks

133 Cases of illness

84 Hospitalisations (63.2%)\*

11 Deaths (8.3%)\*

\* The percentages are calculated on the number of cases with information available (for further details see Table).

N of outbreaks

N of outbreaks  
per 100,000 population \*\*

N of outbreak cases  
per 100,000 population

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

AT 0.011

BE 0.026

BG 0

HR 0

CY 0

CZ 0

DK 0.067

EE 0

FI 0

FR 0.001

DE 0.005

EL 0

HU 0.010

IE 0

IT 0.005

LV 0

LT 0

LU 0

MT 0

NL 0

PL 0

PT 0

RO 0

SK 0

SI 0

ES 0

SE 0.019

XI 0

AT 0.033

BE 0.145

BG 0

HR 0

CY 0

CZ 0

DK 0.169

EE 0

FI 0

FR 0.013

DE 0.033

EL 0

HU 0.021

IE 0

IT 0.080

LV 0

LT 0

LU 0

MT 0

NL 0

PL 0

PT 0

RO 0

SK 0

SI 0

ES 0

SE 0.162

XI 0

Implicated food vehicles  
(Strong-evidence outbreaks)

Top food vehicles



Pig meat and products thereof  
3 Outbreaks



Fish and fish products  
2 Outbreaks



Vegetables and juices and  
other products thereof  
1 Outbreak



Milk  
1 Outbreak



Cheese  
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 3: Listeria monocytogenes nell'UE nel 2023 (fonte: The European Union One Health 2023 Zoonoses Report)

# **Escherichia coli produttori di Shiga-tossine (STEC) in Europa nel 2023**

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

Nel 2023 sono stati confermati 10.217 casi di infezione da E. coli STEC nell'uomo, rendendola la terza infezione gastroenterica di origine alimentare più frequente nell'uomo all'interno dell'UE. 20 SM hanno riportato un totale di 505 casi di Sindrome emolitico-uremica (HUS).

Il tasso di notifica all'UE nel 2023 è stato di 3,1 casi ogni 100.000 abitanti, in aumento del 30% rispetto al dato del 2022 (2,4 casi ogni 100.000 abitanti). Complessivamente il trend di infezioni da STEC ha mostrato incrementi significativi nel periodo 2019-2023.

Nel 2023 E. coli STEC è stato responsabile di 66 focolai di origine alimentare, che hanno condotto a 270 casi di malattia, 48 ricoveri e 1 decesso. Le fonti dei focolai "a forte evidenza" sono state "prodotti lattiero-caseari (diversi dai formaggi)" (3 focolai), "formaggi" (2 focolai) e "carne bovina e suoi derivati" (1 focolaio).

## **Escherichia coli STEC negli alimenti**

Nel 2023, gli STEC sono stati isolati da 354 unità campionarie su un totale di 16.117, con la strategia del "campionamento oggettivo" e testate con metodi di rilevamento di STEC non limitati all'individuazione di specifici sierogruppi di STEC (ad esempio l'ISO 16654 per l'O157).

Nel 2023 19 SM hanno testato 6.863 campioni di alimenti RTE, confermando una positività a STEC dell'1,0%, di cui il 2% di campioni positivi appartenenti alla categoria "latte e prodotti a base di latte" e l'1,3% appartenenti alla categoria "carne e prodotti a base di carne". Tuttavia, anche il 6,7% delle 45 unità campionarie appartenenti alla categoria alimentare "prodotti da forno" è risultato positivo alla presenza di STEC.

Considerando le 9.254 unità campionarie testate da alimenti non-RTE in 21 SM, il 3,1% di esse è risultata positiva a STEC, con il livello di contaminazione più alto (3,8%) 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 536 campioni ufficiali.

## **Escherichia coli STEC negli animali**

Nel 2023 STEC è stato identificato in differenti specie animali da parte di 5 SM. La maggior parte delle unità testate nell'UE (N = 2.129) proveniva da "bovini" (N = 937), con il 16,8% di positività. Le percentuali più alte di campioni positivi sono state ottenute dalle seguenti categorie di animali: "suini" con il 46,9%, "capre e pecore" con il 34,6%, sulla base di 408 e 405 campioni animali testati, rispettivamente.

# PRODUZIONE SCIENTIFICA ANNO 2024

1. Corradini C, De Bene AF, Russini V, Carfora V, Alba P, Cordaro G, Senese M, Terracciano G, Fabri I, Di Sirio A, Di Giamberardino F, Boria P, De Marchis ML, Bossù T. Detection of *Salmonella* Reservoirs in Birds of Prey Hosted in an Italian Wildlife Centre: Molecular and Antimicrobial Resistance Characterisation. *Microorganisms*. 2024 Jun 8;12(6):1169. doi: 10.3390/microorganisms12061169. PMID: 38930551 Free PMC article.
2. Rippa A, Bilei S, Peruzy MF, Marrocco MG, Leggeri P, Bossù T, Murru N. Antimicrobial Resistance of *Listeria monocytogenes* Strains Isolated in Food and Food-Processing Environments in Italy. *Antibiotics (Basel)*. 2024 Jun 3;13(6):525. doi: 10.3390/antibiotics13060525. PMID: 38927191 Free PMC article.
3. De Bene AF, Russini V, Corradini C, Vita S, Pecchi S, De Marchis ML, Terracciano G, Focardi C, Montemaggioli A, Zuffi MAL, Weill FX, Bossù T. An extremely rare serovar of *Salmonella enterica* (Yopougon) discovered in a Western Whip Snake (*Hierophis viridiflavus*) from Montecristo Island, Italy: case report and review. *Arch Microbiol.* 2024 Jan 3;206(1):49. doi: 10.1007/s00203-023-03772-w. PMID: 38168824 Free PMC article. Review.

## RINGRAZIAMENTI

Si ringrazia tutto il personale della D.O. UOC Microbiologia degli alimenti, della UOT Toscana Nord, della D.O. UOC Diagnostica generale e di tutti i colleghi dell'IZSLT che quotidianamente contribuiscono alle attività del CREP, del LRPTAU e del CRRLM.  
Questo report è dedicato ad Emilia Rasile che ha onorato il CREP della sua presenza e ci ha insegnato ad "andare avanti".

