



ISTITUTO ZOOPROFILATTICO SPERIMENTALE
DELLA LOMBARDIA E DELL'EMILIA ROMAGNA
"BRUNO UBERTINI"
ENTE SANITARIO DI DIRITTO PUBBLICO

LA NOSTRA
ESPERIENZA,
LA VOSTRA
SICUREZZA.

Epidemiologia genomica nella gestione di focolai di listeria e salmonella a trasmissione alimentare

Pongolini Stefano

13 novembre 2025



Chi sono

- Responsabile della «Analisi del Rischio ed Epidemiologia Genomica (AREG)» - IZSLER
- Veterinario con oltre 30 anni di carriera in IZSLER
- Ho svolto attività di diagnostica anatomo-patologica, sierologia, microbiologia diagnostica e alimentare, diagnostica delle TSE, microbiologia molecolare, epidemiologia genomica
- Per l'Emilia-Romagna - Responsabile del Centro di Riferimento Regionale per gli Enteropatogeni (2012)
- Dal 2011 rappresentante italiano del Network di EFSA per i rischi Emergenti

stefano.pongolini@izsler.it

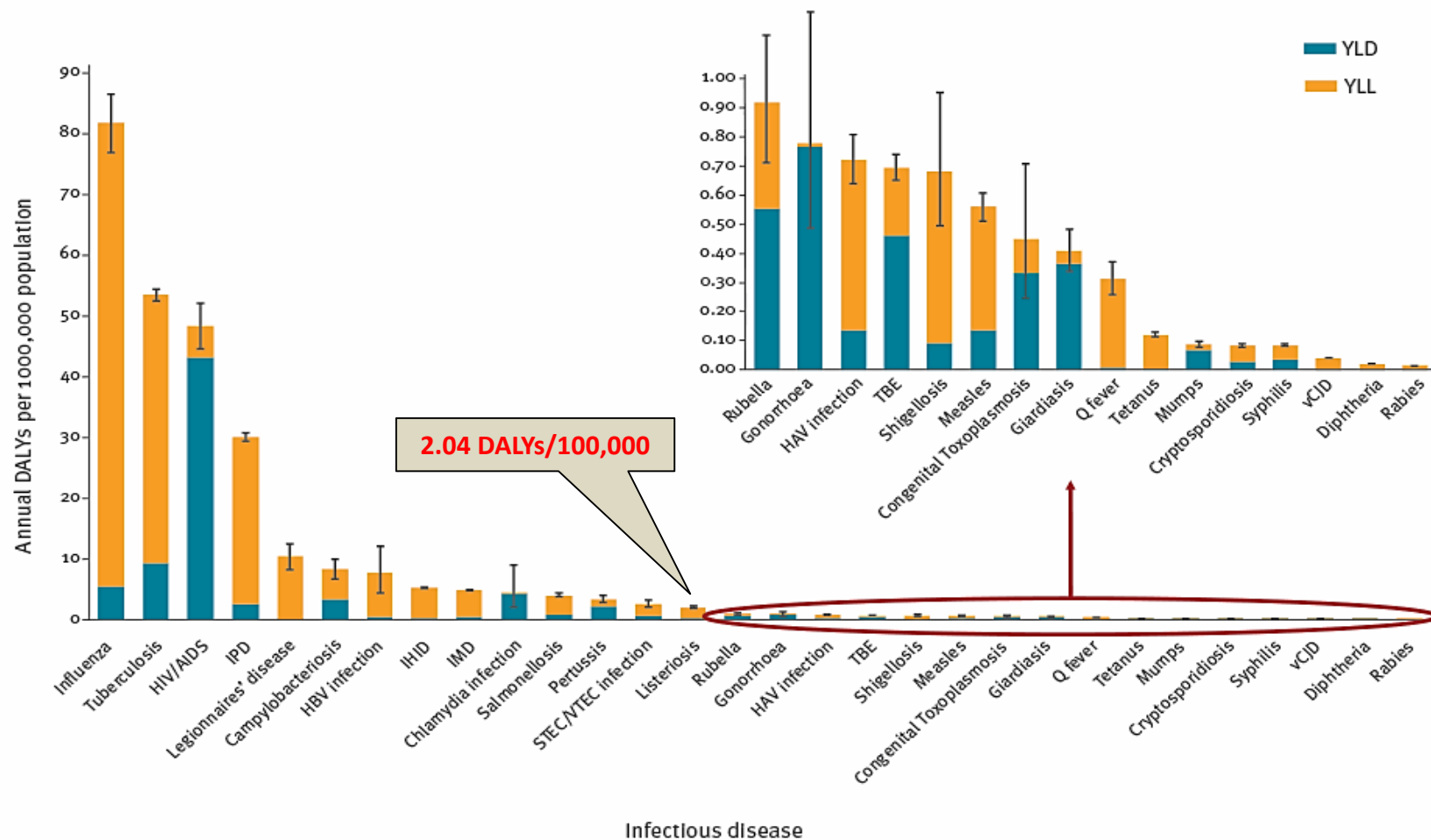


Figure 1. Median annual DALYs per 100,000 population for selected infectious diseases, EU/EEA countries, 2009–2013

Citation style for this article: Cassini Alessandro, Colzani Edoardo, Pini Alessandro, Mangen Marie-Josée J, Plass Dietrich, McDonald Scott A, Maringhini Guido, van Lier Alië, Haagsma Juanita A, Havelaar Arie H, Kramarz Piotr, Kretzschmar Mirjam E, on behalf of the BCodE consortium. Impact of infectious diseases on population health using incidence-based disability-adjusted life years (DALYs): results from the Burden of Communicable Diseases in Europe study, European Union and European Economic Area countries, 2009 to 2013. Euro Surveill. 2018;23(16):pii=17-00454. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.16.17-00454> Received: 06 Jul 2017; Accepted: 15 Nov 2017

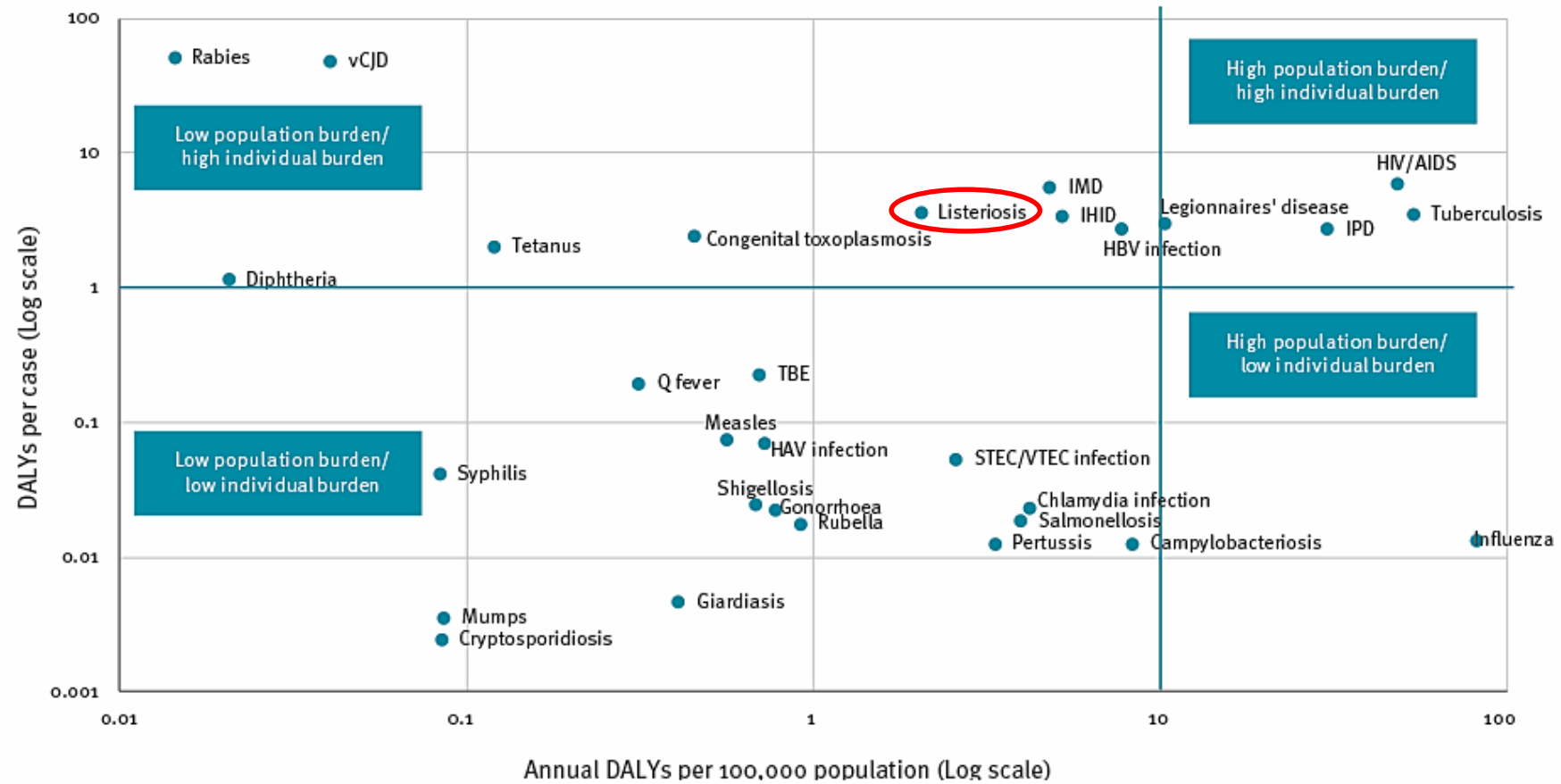


Figure 4. Scatterplot of the burden of selected infectious diseases in DALYs per case and DALYs per 100,000 population per year, EU/EEA countries, 2009–2013

Citation style for this article: Cassini Alessandro, Colzani Edoardo, Pini Alessandro, Mangen Marie-Josée J, Plass Dietrich, McDonald Scott A, Maringhini Guido, van Lier Alië, Haagsma Juanita A, Havelaar Arie H, Kramarz Piotr, Kretzschmar Mirjam E, on behalf of the BCoDE consortium. Impact of infectious diseases on population health using incidence-based disability-adjusted life years (DALYs): results from the Burden of Communicable Diseases in Europe study, European Union and European Economic Area countries, 2009 to 2013. Euro Surveill. 2018;23(16):pii=17-00454. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.16.17-00454> Received: 06 Jul 2017; Accepted: 15 Nov 2017



Disease	Median DALYs per 100,000 newborn population (95% uncertainty interval) ^a	DALYs due to congenital infections per 100,000 newborn population (%)
Congenital toxoplasmosis	43.6 (22.7–68.6)	35.1
Congenital rubella	42.5 (30.6–56.7)	34.6
→ Perinatal listeriosis	34.4 (26.2–43.4)	28.0
Congenital syphilis	2.73 (2.64–2.81)	2.22
Congenital chlamydia infection	0.09 (0.08–0.10)	0.08
Congenital gonorrhoea		
Total	123 (82.2–172)	100
DALYs: disability-adjusted life years; EU/EEA: European Union/European Economic Area; YLD: years lived with disability; YLL: years of life lost. ^a Median and 95% uncertainty interval as estimated from the Burden of Communicable Diseases in Europe (BCoDE) toolkit (10,000 Monte Carlo simulations). Values		

Table 3. Ranking of congenital diseases by DALYs and proportion among total congenital diseases per 100,000 newborn population, EU/EEA countries, 2009–2013

Citation style for this article: Cassini Alessandro , Colzani Edoardo , Pini Alessandro , Mangen Marie-Josée J , Plass Dietrich , McDonald Scott A , Maringhini Guido , van Lier Aliès , Haagsma Juanita A , Havelaar Arie H , Kramarz Piotr , Kretzschmar Mirjam E , on behalf of the BCoDE consortium . Impact of infectious diseases on population health using incidence-based disability-adjusted life years (DALYs): results from the Burden of Communicable Diseases in Europe study, European Union and European Economic Area countries, 2009 to 2013. Euro Surveill. 2018;23(16):pii=17-00454. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.16.17-00454> Received: 06 Jul 2017; Accepted: 15 Nov 2017



Salmonellosi e listeriosi hanno una epidemiologia complessa

- perché sono malattie infettive trasmesse attraverso il vettore alimento
- perché sono complesse le catene alimentari
- questo si associa a una complessa normativa di sicurezza alimentare
- si accompagnano a riflessi economici rilevanti e mediatici



Focolaio di malattia a trasmissione alimentare

Una concentrazione insolitamente elevata nel tempo di casi di malattia causati da uno specifico agente infettivo e originati da un'unica sorgente di contaminazione della filiera alimentare



Indagine di focolaio di MTA: perché farla

- per identificare la sorgente delle infezioni (*fine tecnico*)
- per prevenire ulteriori casi di infezione (*fine sanitario diretto*)
- per capire le cause e tradurle in prevenzione (*fine profilattico*)
- per fornire spiegazioni ai portatori di interessi - società, consumatori, produttori ...
- per ragioni di credibilità del sistema economico-sociale - es. export



Indagine di focolaio di MTA: perché farla

- per identificare la sorgente delle infezioni (*fine tecnico*)
- per prevenire ulteriori casi di infezione (*fine sanitario diretto*)
- per capire le cause e tradurle in prevenzione (*fine profilattico*)
- per fornire spiegazioni ai portatori di interessi - società, consumatori, produttori ...
- per ragioni di credibilità del sistema economico-sociale - es. export



Come si indaga un focolaio di MTA - elementi fondamentali

- 
1. epidemiologia classica -> SISP
 2. catena alimentare -> SIAN-SVET
 3. microbiologia -> Laboratori



Cos'è l'epidemiologia genomica?

- È l'integrazione dell'epidemiologia con l'analisi del genoma dei microrganismi



Cos'è l'epidemiologia genomica?

- È l'integrazione dell'epidemiologia con l'analisi del genoma dei microrganismi

Epidemiologia (una definizione minima)

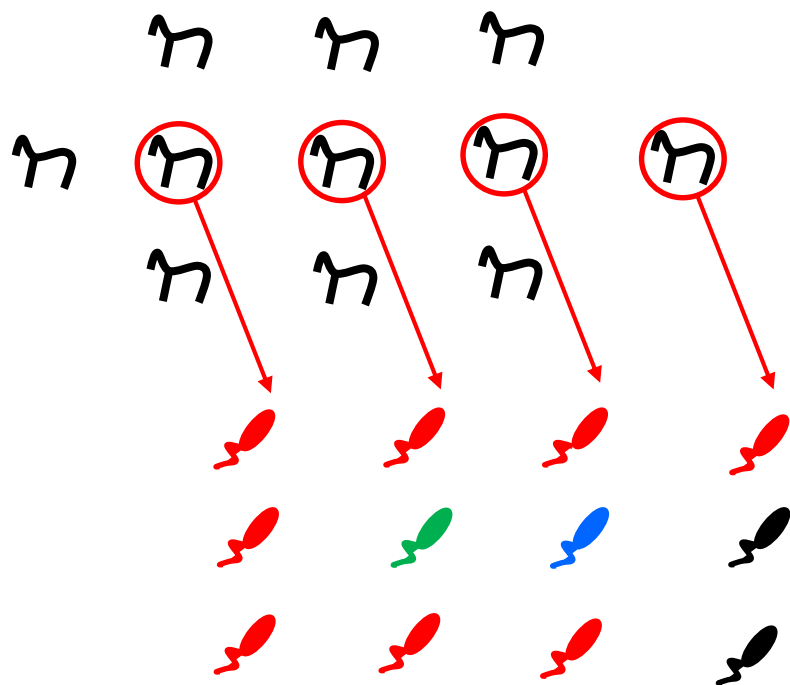
- È lo studio della diffusione di una malattia in una popolazione e dei fattori di rischio associati alla malattia stessa

In che modo l'analisi del genoma dei microrganismi integra l'epidemiologia?

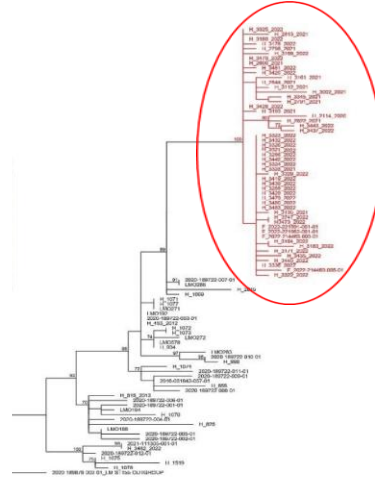
- Permettendo di valutare il grado della possibile correlazione tra i casi/sorgenti



Rileviamo i casi di malattia nella popolazione ...



Che correlazione c'è tra questi casi?



microbiologia → WGS → epi. genomica

metadati

tracciabilità

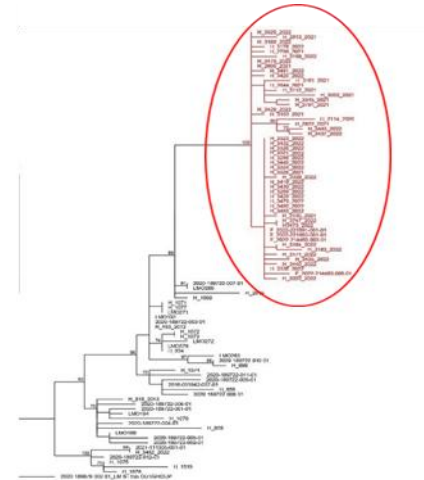
→ epi. intelligence





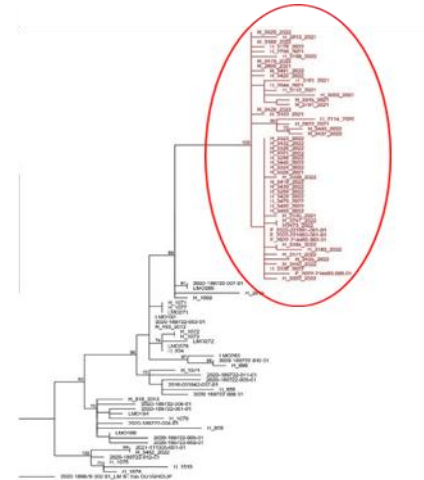
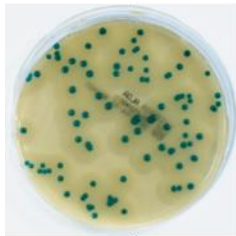
Identificazione/indagine dei focolai di MTA – inversione del paradigma

- | | | | |
|---|---------------------------|---|---------------------|
|  | 1. epidemiologia classica |  | -> SISP |
| | 2. catena alimentare | | -> SIAN-SVET |
| | 3. microbiologia | | -> Laboratori – WGS |



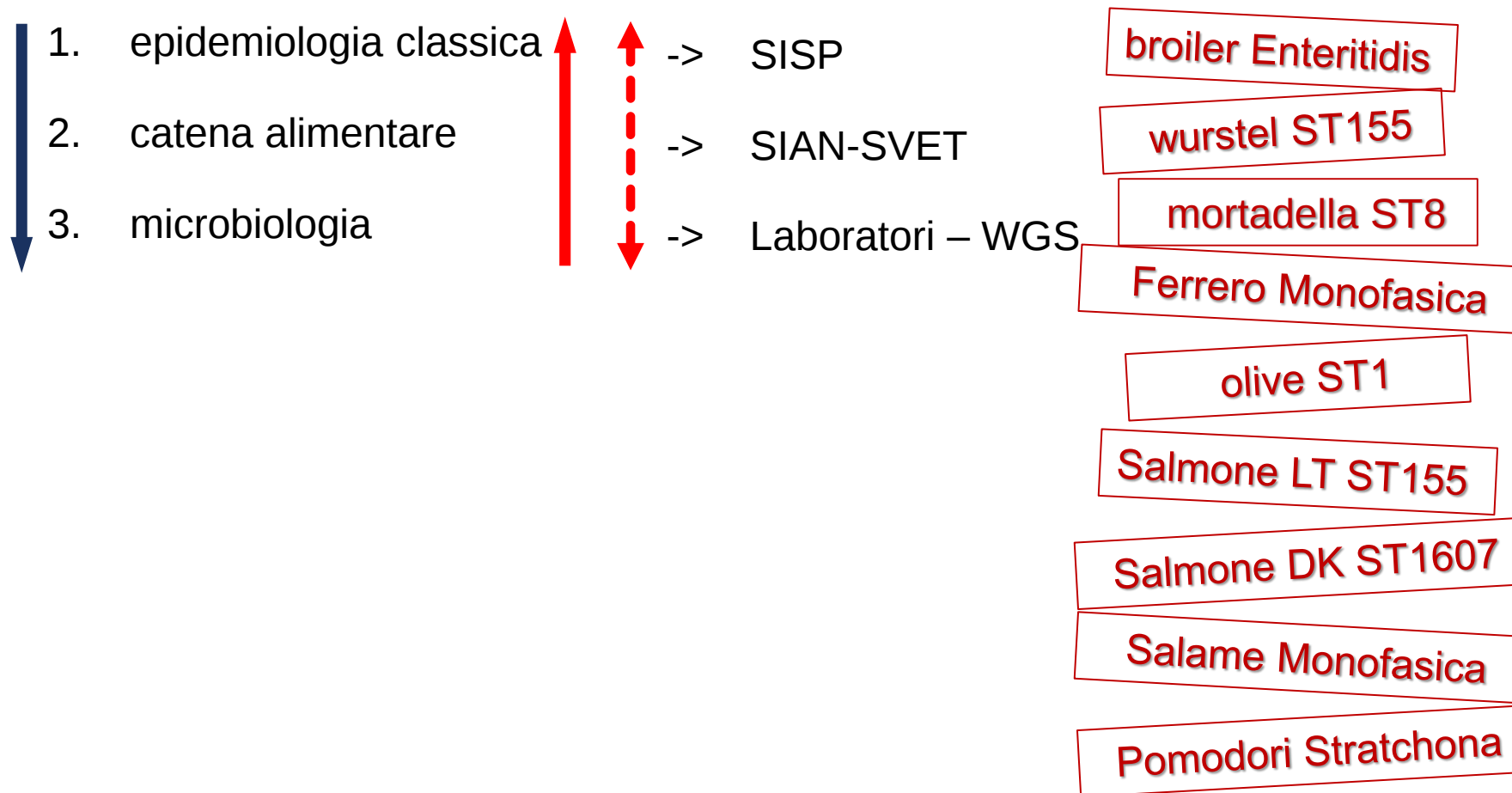


Identificazione/indagine dei focolai di MTA – inversione del paradigma





Identificazione/indagine dei focolai di MTA – inversione del paradigma





DECISIONE DI ESECUZIONE (UE) 2019/300 DELLA COMMISSIONE

del 19 febbraio 2019

che istituisce un piano generale per la gestione delle crisi riguardanti la sicurezza degli alimenti e dei mangimi

Era genomica

Articolo 8

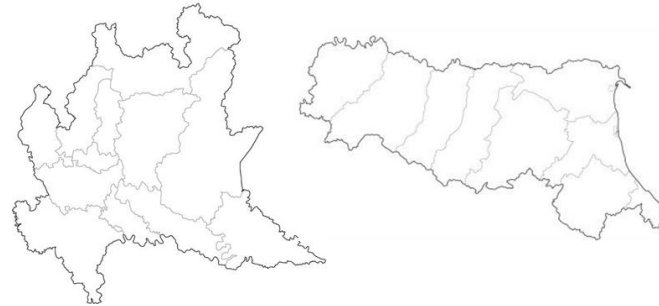
Formazione, esercizi e strumenti all'avanguardia

La Commissione fornisce un follow-up sull'adeguatezza della preparazione negli Stati membri assicurando che essi dispongano di piani nazionali di emergenza per gli alimenti e i mangimi e verificando tali piani.

La Commissione promuove l'uso di strumenti all'avanguardia a livello dell'Unione, come gli strumenti per la rintracciabilità, le analisi di tipizzazione molecolare (compreso il sequenziamento dell'intero genoma - WGS) e la condivisione dei risultati nella banca dati EFSA-ECDC sulla tipizzazione molecolare degli agenti patogeni riscontrati nell'uomo, negli animali, negli alimenti, nei mangimi e nell'ambiente degli alimenti o dei mangimi.



Serve un Sistema di sorveglianza di laboratorio

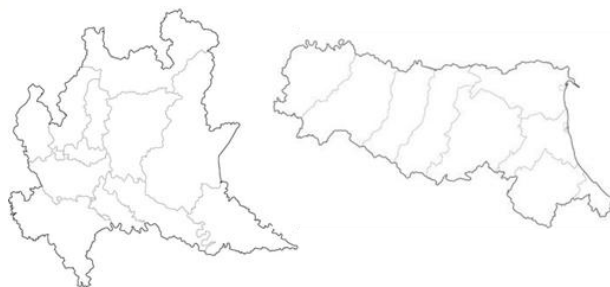


- Popolazione (RL): 10,02 (17%)
- Popolazione (RER): 4,45 (7,5%)
- Bovini: 2,11 (37,8%)
- Suini: 5,74 (62,6%)
- Avicoli: 46 (34%)

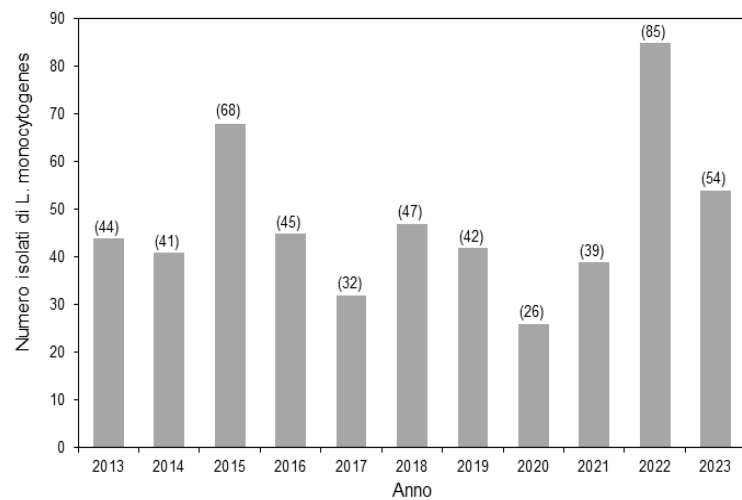
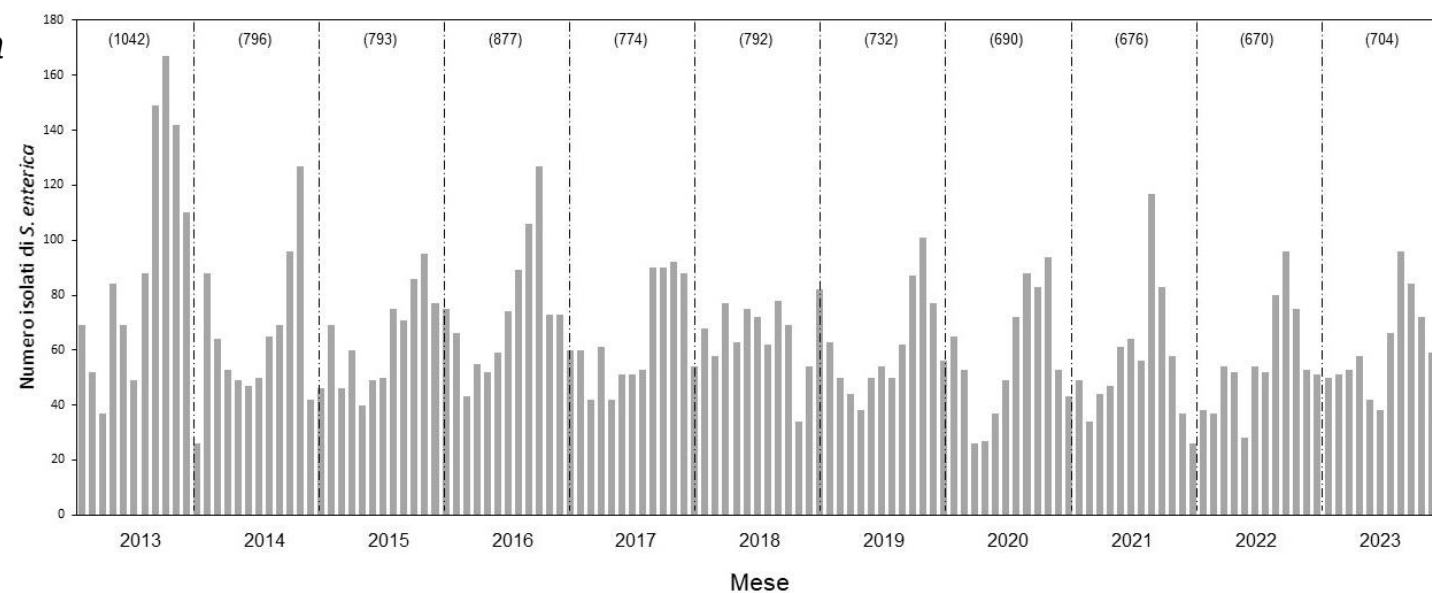
Dati in milioni – fonte ISTAT - ISMEA

Sorveglianza genomica in RER-RL (a partire da 2018-21):

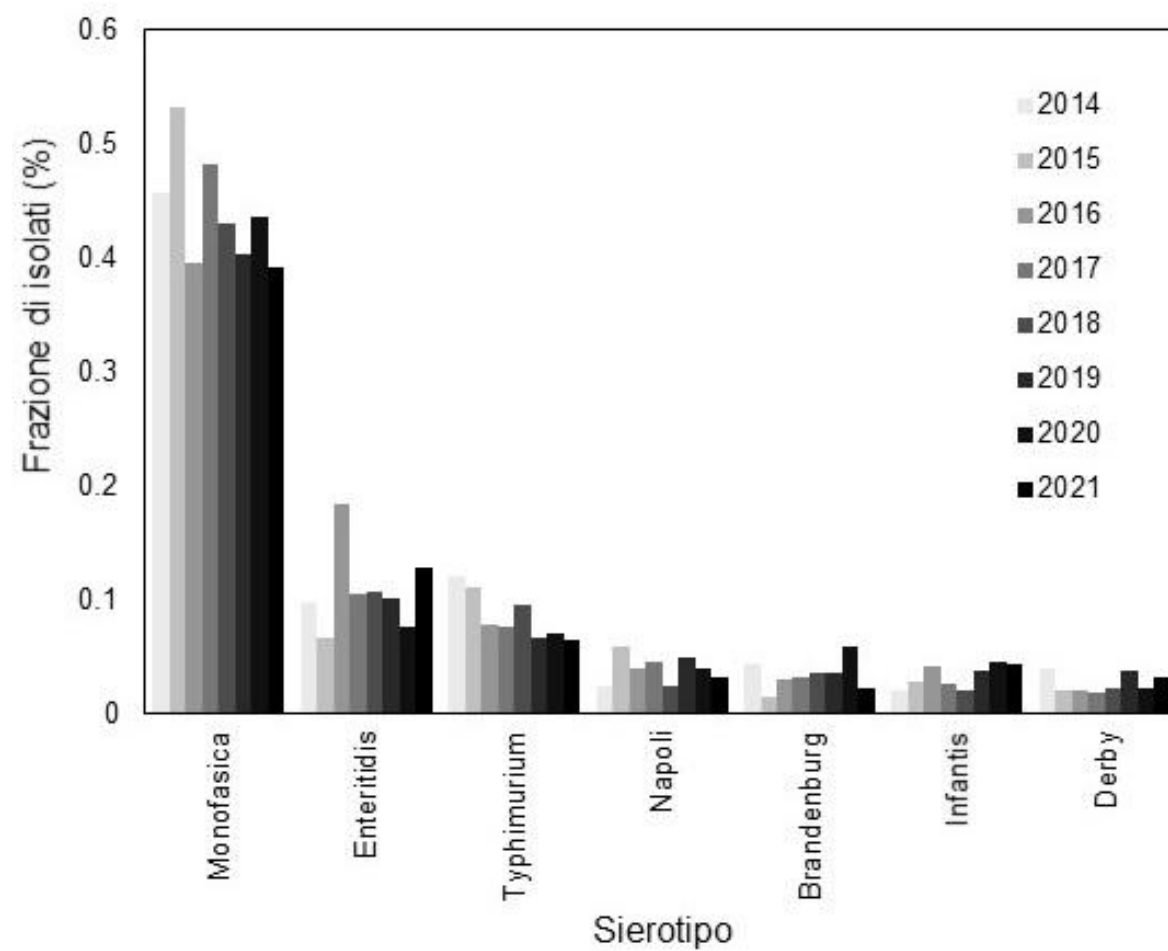
- 10 laboratori ospedalieri (Emilia-Romagna)
- 1 centro di riferimento (IZS AREG-Parma)
- genotipizzazione: WGS (Salmonella, Listeria e Campylobacter)
- 1 solo database per tutti gli isolati (umani – alimentari- animali)
- Salmonella: 600-700/anno (umane) - 1500-2000/anno (altre)
- Listeria: 100-120/anno (umane RL-RER) – 1500/anno (altre)
- Campylobacter: 1200/anno (umane RER)



Salmonella enterica



Listeria monocytogenes





1.2 Potenziali focolai diffusi di *Salmonella enterica* rilevati nell'anno 2023

Nell'anno 2023, il sistema di individuazione di potenziali focolai, attivo presso il Centro, basato sull'analisi sistematica in WGS degli isolati di *Salmonella enterica* di origine umana, ha evidenziato 22 cluster genomici indicativi di altrettanti potenziali focolai. Parallelamente, le analisi di correlazione molecolare vengono estese anche agli isolati alimentari e animali routinariamente ricevuti di routine da IZSLER o specificamente prelevati in associazione ai focolai.

Tab. 1: Riepilogo delle informazioni relative ai cluster di salmonellosi segnalati al sistema sanitario nel 2023. In tabella è riportato il numero di casi attribuibili al cluster sulla base della sorveglianza molecolare. L'ultima colonna riporta la differenza allelica (AD) in single-linkage clustering calcolata tra isolati del cluster secondo lo schema Enterobase.

Cluster ID	Casi	AUSL Coinvolte	Isolati nella catena alimentare	Sierotipo	AD
2023_GCS_0141_01	6	BO, FE, RE	1	Brandenburg	2
2023_GCS_0176_01	3	ROM	1	Monofasica	1
2023_GCS_0261_01	15	BO, FE, MO, PC, PR, RE, ROM	6	Monofasica	3
2023_GCS_0286_01	7	BO, MO, RE	-	Monofasica	1
2023_GCS_0297_01	7	PR, RE	2	Monofasica	1
2023_GCS_0300_01	6	BO, PR, RE	1	Monofasica	2
2023_GCS_0374	9	MO, PC, PR	-	Typhimurium	1
2023_GCS_0382	6	PR, RE	-	Newport	1
2023_GCS_0387	13	BO, PR, ROM	-	Monofasica	1
2023_GCS_0400	4	ROM	-	Typhimurium	0
2023_GCS_0403	11	BO, ROM	-	Enteritidis	2
2023_GCS_0411	10	BO, FE, MO, PR, ROM	5	Monofasica	1
2023_GCS_0412	10	BO, PC, RE, ROM	3	Enteritidis	1
2023_GCS_0413	34	MO, PC, PR, RE	2	Typhimurium	2
2023_GCS_0420	5	ROM	1	Enteritidis	1
2023_GCS_0421*	3	PC	4	Stanley	0
2023_GCS_0425	4	FE, RE, ROM	2	Brandenburg	1
*2023_GCS_0429**	2	ROM	2	Enteritidis	1
2023_GCS_0432	6	FE, ROM	-	Monofasica	2
2023_GCS_0436	5	MO, PR, RE	-	Monofasica	1
2023_GCS_0439	3	BO, MO	2	Monofasica	0
2023_GCS_0443	6	MO, PR, RE	2	Goldcoast	1

1.2 Potenziali focolai diffusi di *Salmonella enterica* rilevati nell'anno 2024

Nell'anno 2024, il sistema di individuazione di potenziali focolai attivo presso il Centro, basato sull'analisi sistematica in WGS degli isolati di *Salmonella enterica* di origine umana, ha evidenziato 17 nuovi cluster genomici indicativi di altrettanti potenziali focolai. In aggiunta, sono stati identificati nuovi isolati in uomo e nella catena alimentare di 1 cluster genomico identificato negli anni precedenti. Parallelamente, le analisi di correlazione molecolare vengono estese anche agli isolati alimentari e animali ricevuti di routine da IZSLER o specificamente prelevati in associazione ai focolai. I 232 casi totali di salmonellosi appartenenti a potenziali focolai in RER costituiscono un numero rilevante se si tiene conto che, in un focolaio di salmonellosi, si stimano ben 29 casi non notificati per ogni caso confermato (Scallan et al. 2011).

Tab. 1: Cluster di salmonellosi segnalati al sistema sanitario nel 2024. La tabella riporta il numero di casi attribuiti al cluster sulla base della sorveglianza molecolare. L'ultima colonna riporta la differenza allelica (AD) in single-linkage clustering secondo lo schema Enterobase. *Parte di un focolaio multi-regionale. **Parte di un focolaio internazionale.

Cluster ID	Casi	AUSL Coinvolte	Isolati nella catena alimentare	Sierotipo	Sequence type	AD
2024_GCS_0072_01	16	BO, IM, RE, ROM	1	Monofasica	34	1
2024_GCS_0090_01*	13	BO, MO, PR, RE	10	Monofasica	34	1
2024_GCS_0460	2	BO	1	Monofasica	34	0
2024_GCS_0461	6	FE	-	Brandenburg	65	1
2024_GCS_0462	3	BO, ROM	2	Monofasica	34	2
2024_GCS_0464*	5	MO, PC, PR, ROM	14	Enteritidis	11	3
*2024_GCS_0469**	8	BO, FE, ROM	-	Typhimurium	36	2
2024_GCS_0470	6	MO, RE	-	Monofasica	34	3
2024_GCS_0472	4	BO, ROM	2	Typhimurium	19	0
*2024_GCS_0478**	13	BO, IM, MO, RE	-	Typhimurium	36	3
*2024_GCS_0479**	5	BO, MO, PR, RE	-	Typhimurium	36	1
2024_GCS_0480*	95	BO, FE, IM, MO, PC, PR, RE, ROM	-	Monofasica	34	2
2024_GCS_0482	5	BO, FE, MO, PC, ROM	-	Brandenburg	65	1
*2024_GCS_0483**	4	FE, MO, RE	-	Umbilo	2014	0
2024_GCS_0490	10	PC, PR	1	Hadar	33	2
2024_GCS_0494	16	ROM	10	Monofasica	34	1
2024_GCS_0497	7	BO, MO, RE	-	Bredeney	897	1
*2021_GCS_0138**	14	BO, FE, MO, PR, RE, ROM	1	Strathcona	2559	5





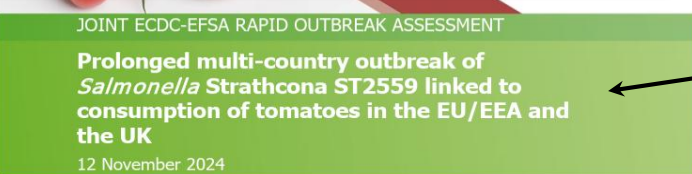
ecdc

efsa

JOINT ECDC-EFSA RAPID OUTBREAK ASSESSMENT

Prolonged cross-border multi-serovar *Salmonella* outbreak linked to consumption of sprouted seeds

6 March 2025



JOINT ECDC-EFSA RAPID OUTBREAK ASSESSMENT

Prolonged multi-country outbreak of *Salmonella* Strathcona ST2559 linked to consumption of tomatoes in the EU/EEA and the UK

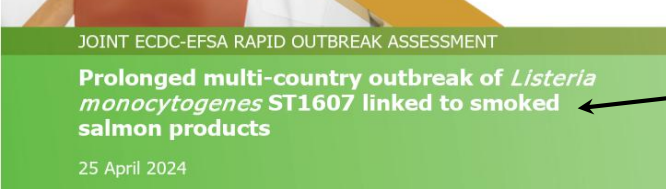
12 November 2024



JOINT ECDC-EFSA RAPID OUTBREAK ASSESSMENT

Prolonged multi-country cluster of *Listeria monocytogenes* ST155 infections linked to ready-to-eat fish products

13 December 2023



JOINT ECDC-EFSA RAPID OUTBREAK ASSESSMENT

Prolonged multi-country outbreak of *Listeria monocytogenes* ST1607 linked to smoked salmon products

25 April 2024

Tab. 1: Cluster di salmonellosi segnalati al sistema sanitario nel 2024. La tabella riporta il numero di casi attribuiti al cluster sulla base della sorveglianza molecolare. L'ultima colonna riporta la differenza allelica (AD) in single-linkage clustering secondo lo schema Enterobase. *Parte di un focolaio multi-regionale. **Parte di un focolaio internazionale.

Cluster ID	Casi	AUSL Coinvolte	Isolati nella catena alimentare	Sierotipo	Sequence type	AD
2024_GCS_0072_01	16	BO, IM, RE, ROM	1	Monofasica	34	1
2024_GCS_0090_01*	13	BO, MO, PR, RE	10	Monofasica	34	1
2024_GCS_0460	2	BO	1	Monofasica	34	0
2024_GCS_0461	6	FE	-	Brandenburg	65	1
2024_GCS_0462	3	BO, ROM	2	Monofasica	34	2
2024_GCS_0464*	5	MO, PC, PR, ROM	14	Enteritidis	11	3
✗2024_GCS_0469**	8	BO, FE, ROM	-	Typhimurium	36	2
2024_GCS_0470	6	MO, RE	-	Monofasica	34	3
2024_GCS_0472	4	BO, ROM	2	Typhimurium	19	0
✗2024_GCS_0478**	13	BO, IM, MO, RE	-	Typhimurium	36	3
✗2024_GCS_0479**	5	BO, MO, PR, RE	-	Typhimurium	36	1
2024_GCS_0480*	95	BO, FE, IM, MO, PC, PR, RE, ROM	-	Monofasica	34	2
2024_GCS_0482	5	BO, FE, MO, PC, ROM	-	Brandenburg	65	1
✗2024_GCS_0483**	4	FE, MO, RE	-	Umbilo	2014	0
2024_GCS_0490	10	PC, PR	1	Hadar	33	2
2024_GCS_0494	16	ROM	10	Monofasica	34	1
2024_GCS_0497	7	BO, MO, RE	-	Bredeney	897	1
✗2021_GCS_0138**	14	BO, FE, MO, PR, RE, ROM	1	Strathcona	2559	5

Tab. 2: Riepilogo delle informazioni relative ai cluster di listeriosi segnalati al sistema sanitario. In tabella è riportato il numero di casi presumibilmente attribuibili al focolaio sulla base della sorveglianza molecolare. L'ultima colonna riporta la differenza allelica (AD) in single linkage clustering calcolata tra gli isolati del cluster. La AD è determinata secondo lo schema di Moura et al. (2016).

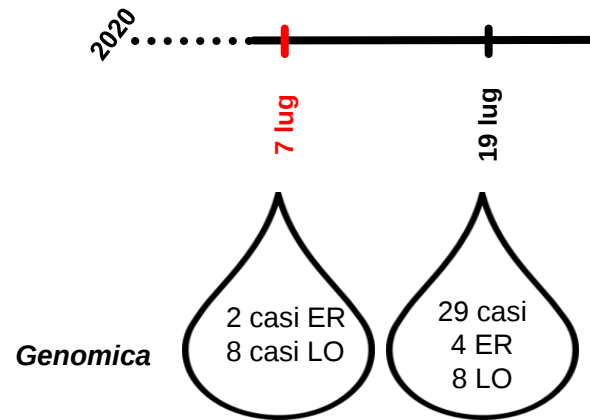
Cluster ID	Casi	AUSL Coinvolte	Sequence Type	Isolati nella catena alimentare	AD
✗ 2023_GCL_0112*	2	BO, PC	155	3	2
2023_GCL_0309**	5	RE, ROM	1	12	2
✗ 2023_GCL_0394*	0	BO, ROM	1607	2	2
2023_GCL_0397	5	MO, RE, ROM	101	-	2

*Parte di un focolaio internazionale

**Parte di un focolaio nazionale

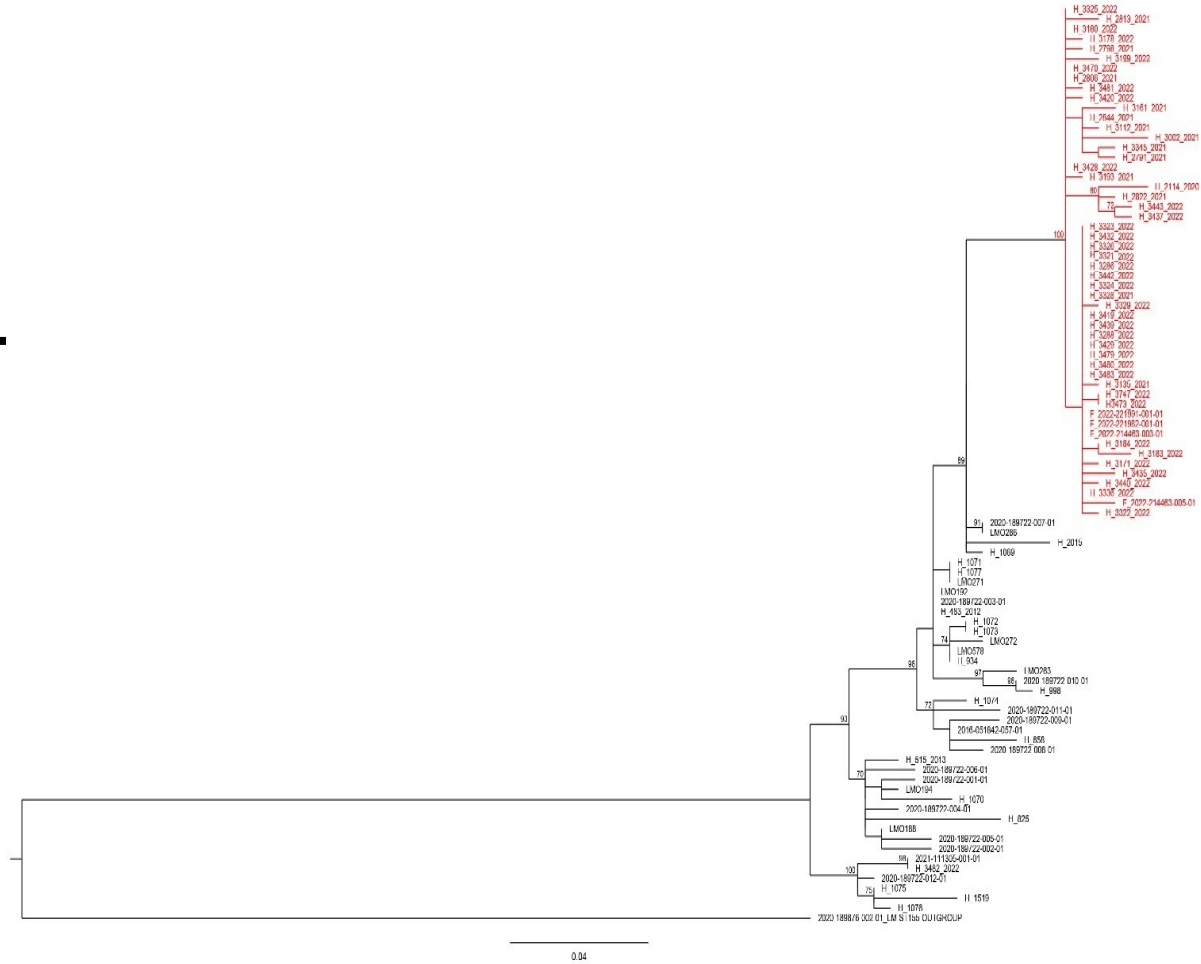
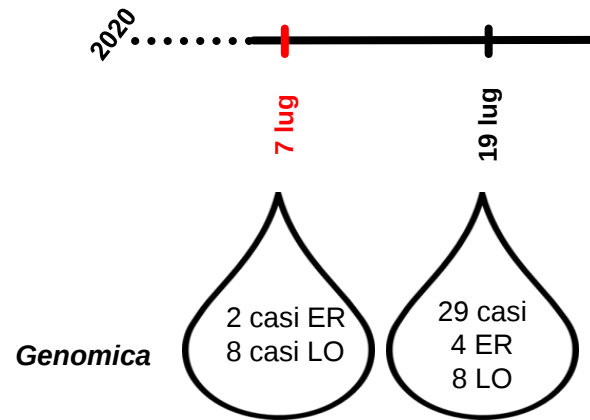


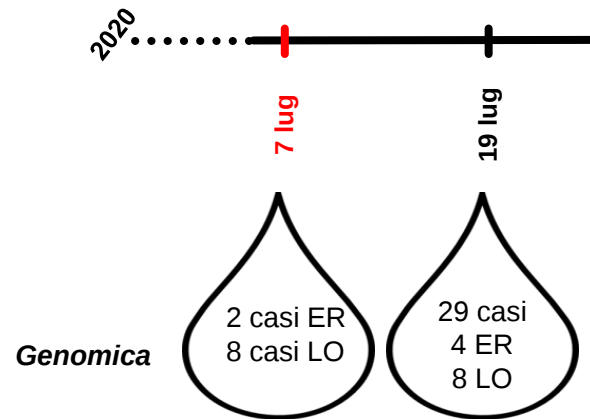
Focolaio *Listeria monocytogenes* ST155 (würstel)

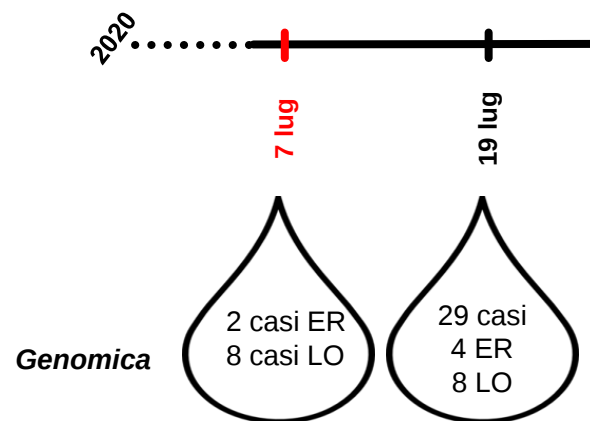




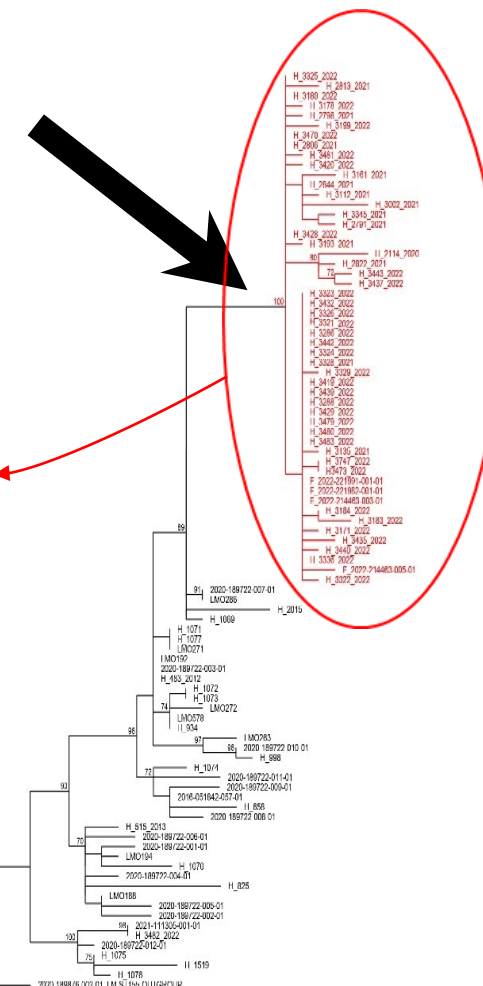
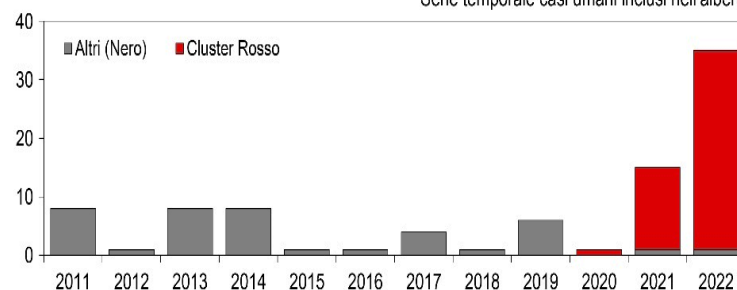
Focolaio *Listeria monocytogenes* ST155 (würstel)







Serie temporale casi umani inclusi nell'albero

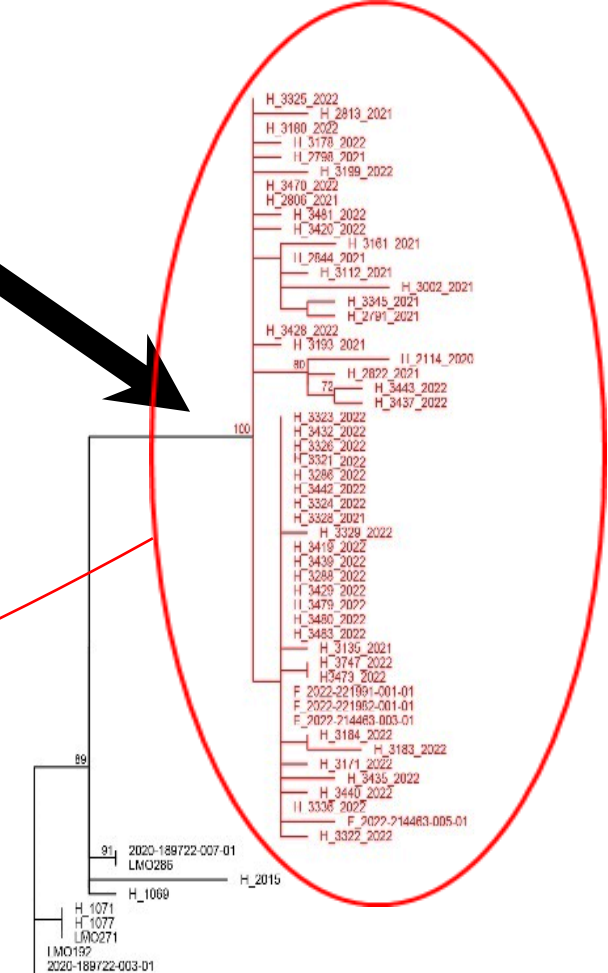
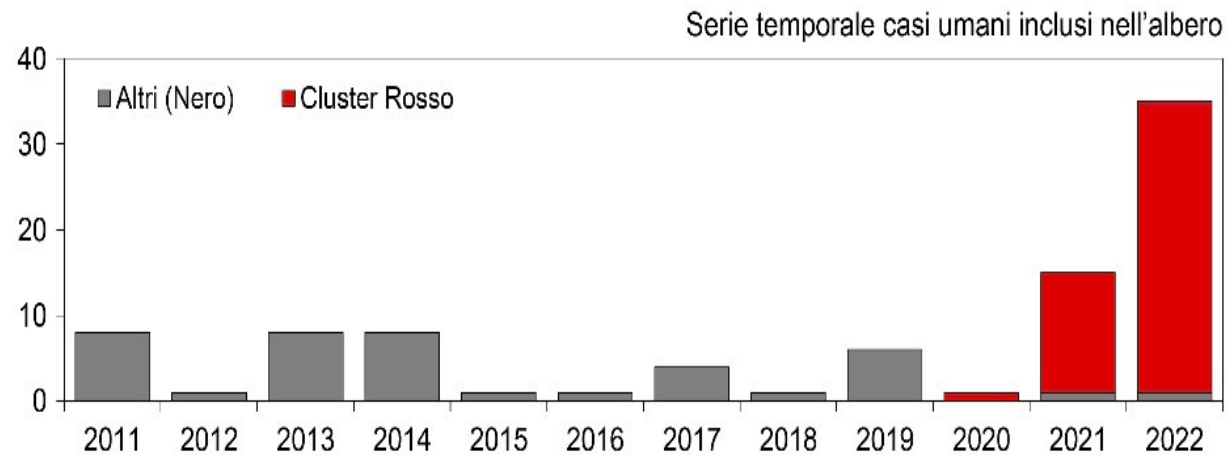


0.04



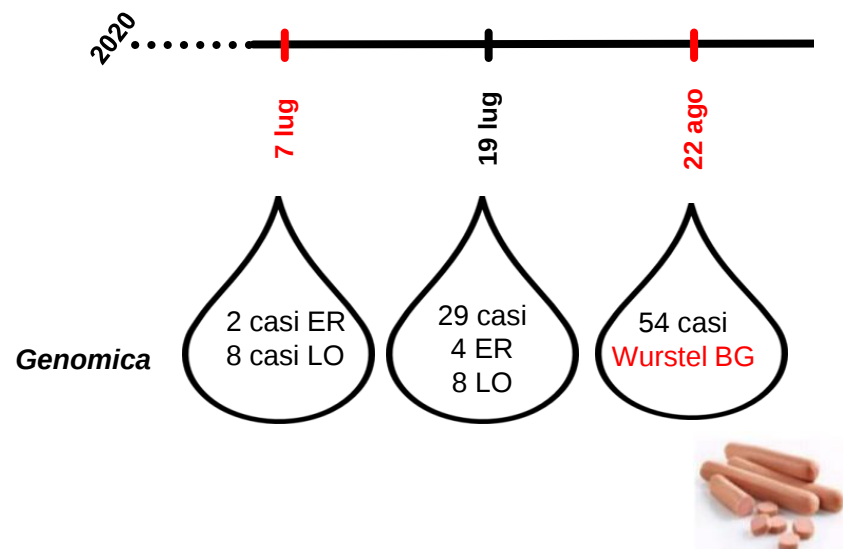
Focolaio *Listeria monocytogenes* ST155 (würstel)

SNP Phylogeny – Maximum Likelihood Tree
IZSLER LM-ST155 220817
Totale casi umani cluster rosso: **48**





Focolaio *Listeria monocytogenes* ST155 (würstel)



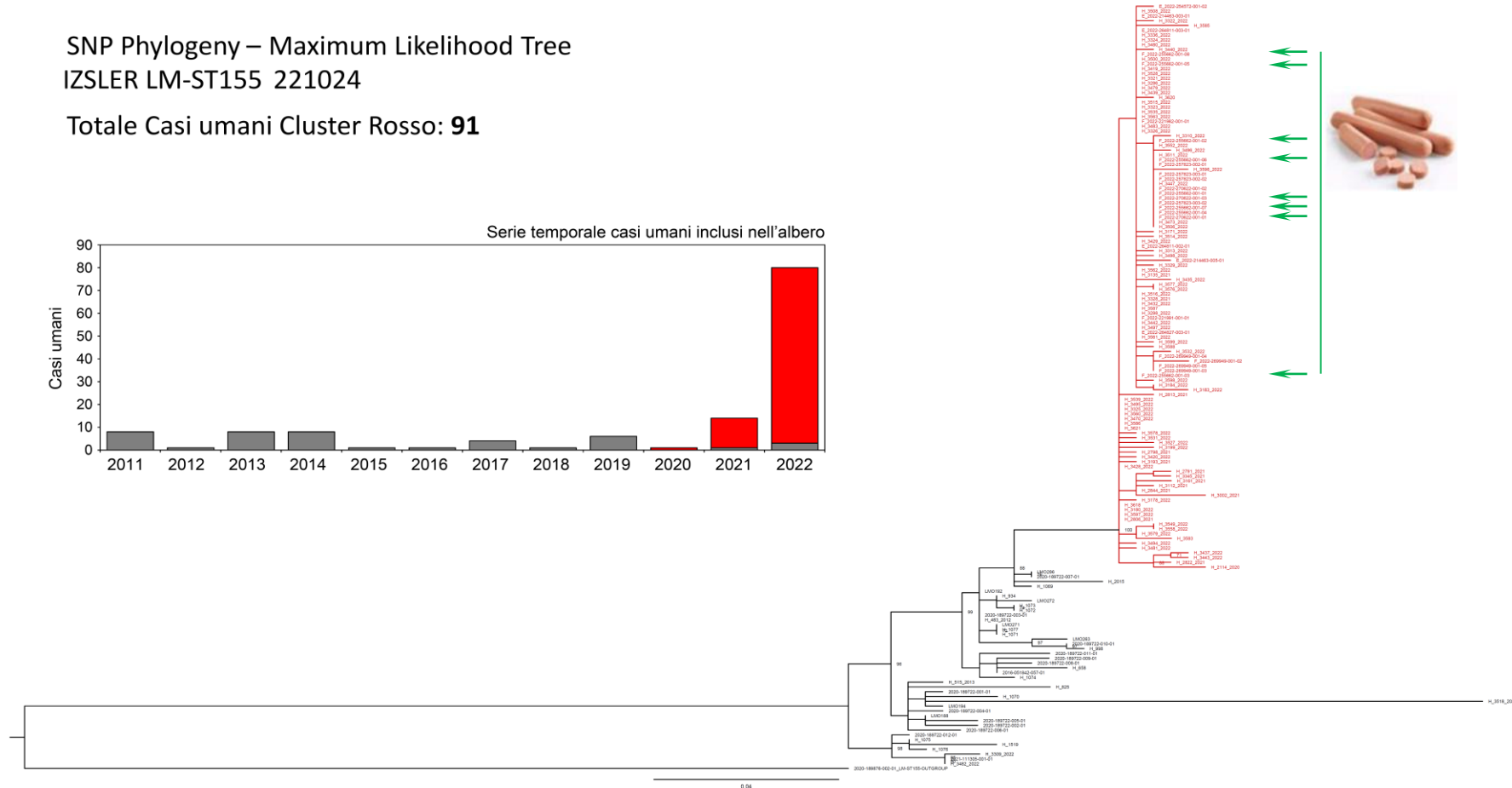
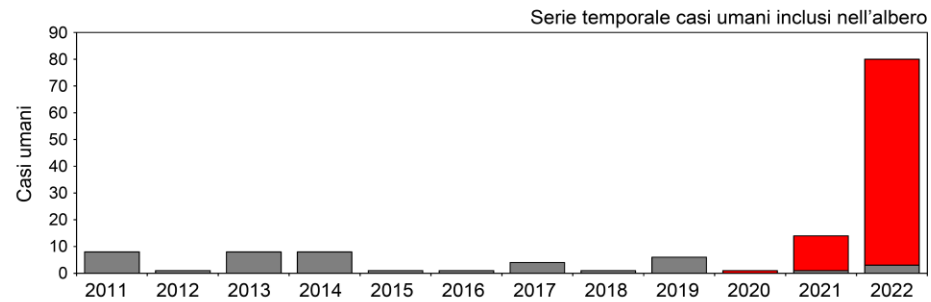


Focolaio *Listeria monocytogenes* ST155 (würstel)



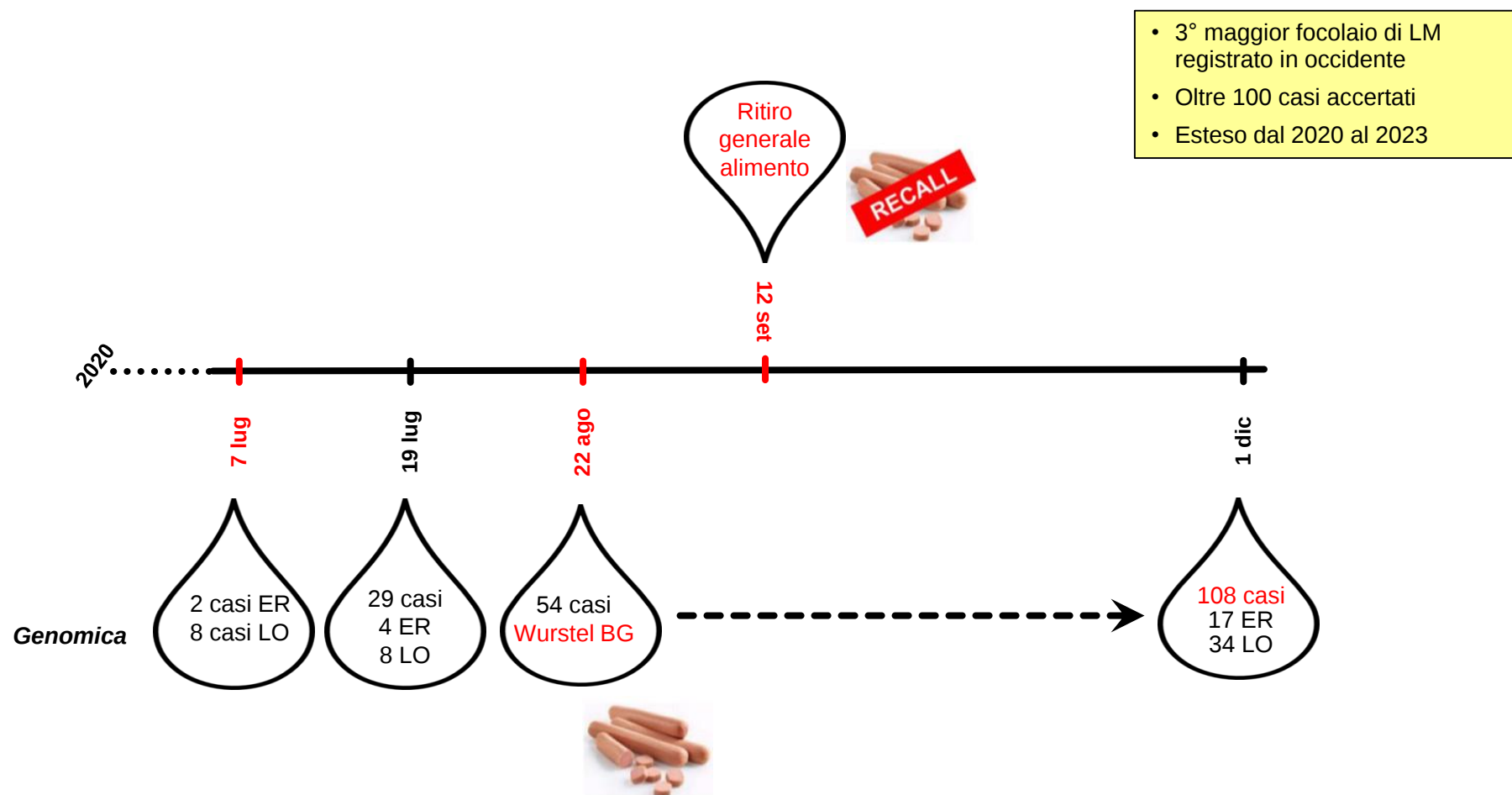
SNP Phylogeny – Maximum Likelihood Tree
IZSLER LM-ST155 221024

Totale Casi umani Cluster Rosso: **91**





Focolaio *Listeria monocytogenes* ST155 (würstel)





L'indagine efficace (ed efficiente) necessita di:

- una sorveglianza integrata, densa, non distorta
- efficace intervento sul territorio, su ogni caso (Servizi ASL)
- tracciabilità alimentare efficace
- dialogo operativo stretto tra laboratori e Servizi sul territorio – gruppi indagine
- epidemic intelligence – i dettagli fanno la differenza

Conclusioni

- WGS non corrisponde a fare epidemiologia genomica – occorre un sistema
- l'epidemiologia genomica ha cambiato le regole del gioco
- L'efficacia di gestione dei focolai è ormai una delle metriche sanitarie internazionali

