



# Normativa segnalazione MTA in ambito umano

## Esempio gestione MTA

---

Luigi Vezzosi

13 novembre 2025



MEETING ZOOM

## Conoscere l'epidemiologia delle zoonosi

SALMONELLA E LISTERIA

FATTORE DETERMINANTE PER  
LA CONVIVENZA UOMO ANIMALE

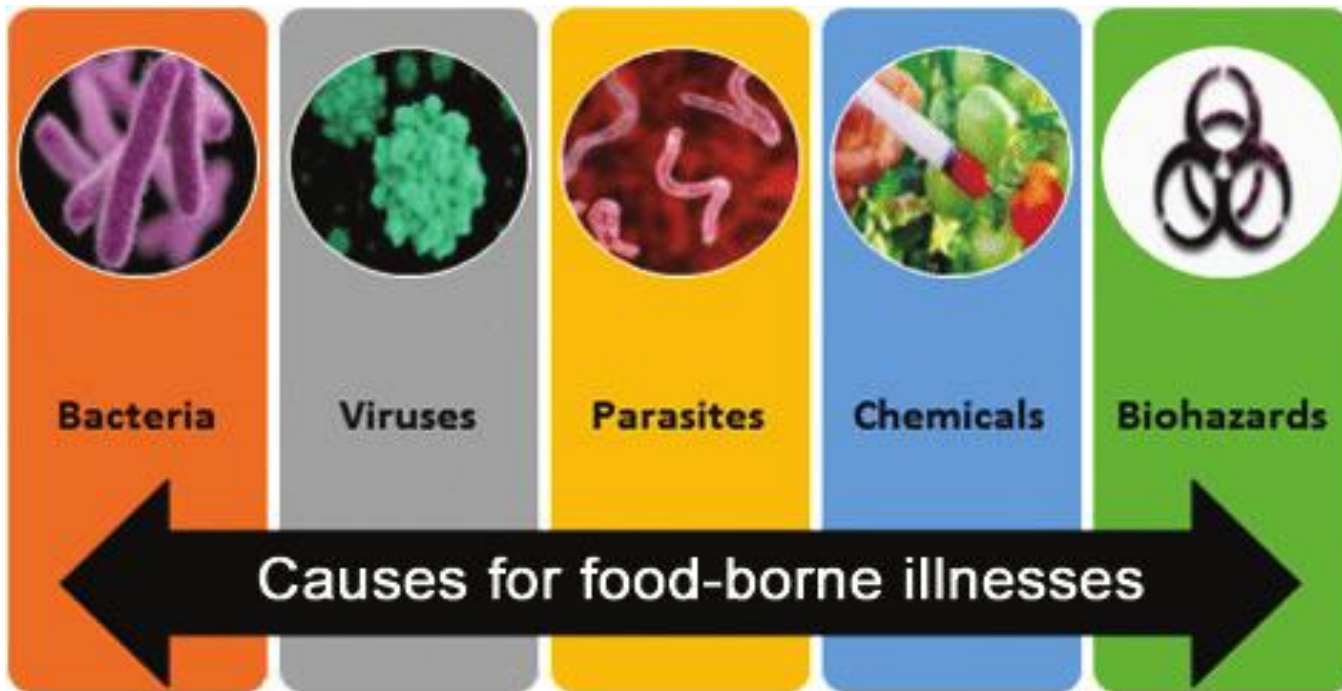
**SECONDO APPUNTAMENTO**

**13 NOVEMBRE 2025**

ORE 20.00

# INTRODUZIONE

L'organizzazione mondiale della sanità (OMS) stima che vi siano **oltre 200 malattie causate dal consumo di alimenti contaminati da:**



 **Foodborne diseases are a major global public health concern**

WHO ESTIMATES OF THE GLOBAL BURDEN OF FOODBORNE DISEASES

Foodborne diseases are caused by types of:

-  **Bacteria**
-  **Viruses**
-  **Parasites**
-  **Toxins**
-  **Chemicals**

Some of these are a public health concern across all regions. Others are much more common in middle- and low-income countries.

 But in a **globalized world** they can **spread quickly** along the food chain and **across borders**

**FOODBORNE DISEASES ARE PREVENTABLE. EVERYONE HAS A ROLE TO PLAY.**

For more information: [www.who.int/foodsafety](http://www.who.int/foodsafety)  
**#SafeFood**

 **World Health Organization**

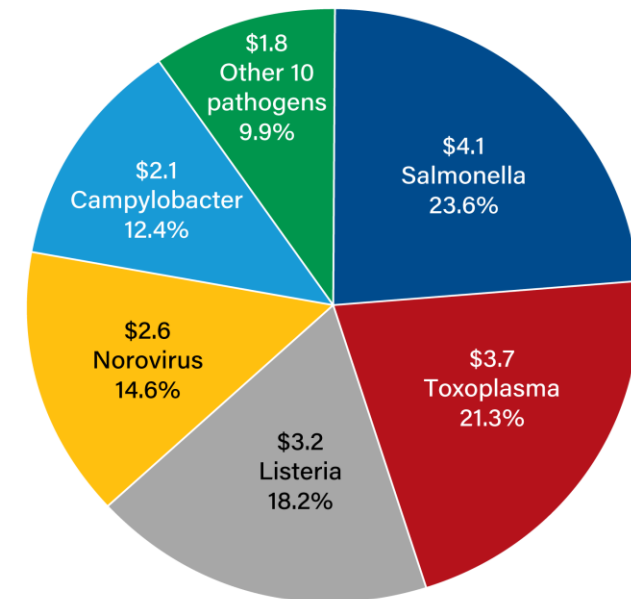
# INTRODUZIONE

- Ogni anno, quasi una persona su 10 nel mondo si ammala dopo aver mangiato cibo contaminato.
- Le MTA causano ogni anno oltre 420.000 morti. I bambini sono colpiti in modo sproporzionato, con 125.000 decessi ogni anno tra le persone sotto i 5 anni di età
- La maggior parte di questi casi sono causati da malattie diarroiche. Altre gravi conseguenze delle malattie di origine alimentare includono insufficienza renale ed epatica, disturbi cerebrali e neurali, artrite reattiva, cancro e morte.



Five pathogens caused most foodborne illness costs in United States

Economic cost (billions of 2018 dollars)



Source: USDA, Economic Research Service (ERS) using data from ERS Cost of Foodborne Illness Data Product.



# INTRODUZIONE

Le malattie di origine alimentare sono causate dalla contaminazione degli alimenti e si verificano in qualsiasi fase della catena di produzione, consegna e consumo degli alimenti.

L'aumento del commercio internazionale e catene alimentari più lunghe e complesse aumentano il rischio di contaminazione alimentare e il trasporto di prodotti alimentari infetti attraverso i confini nazionali.

Possono derivare da diverse forme di contaminazione ambientale, compreso l'inquinamento dell'acqua, del suolo o dell'aria, nonché dalla conservazione e lavorazione non sicure degli alimenti.

La maggior parte si presenta come problemi gastrointestinali, sebbene possano anche produrre sintomi e interessare altri apparati.

Le malattie di origine alimentare sono strettamente legate alla povertà nei paesi a basso e medio reddito, ma rappresentano un crescente problema di salute pubblica in tutto il mondo

Le città in crescita, il cambiamento climatico, la migrazione e i crescenti viaggi internazionali aggravano questi problemi ed espongono le persone a nuovi rischi.



## Estimates: Burden of Foodborne Illness in the United States

### Illnesses

9.9 million

The major pathogens, excluding *Toxoplasma gondii*, caused an estimated 9.9 million domestically acquired foodborne illnesses.

53,300  
hospitalizations

An estimated 53,300 hospitalizations resulted from domestically acquired foodborne illnesses caused by the seven pathogens.

931 deaths

An estimated 931 deaths resulted from domestically acquired foodborne illnesses caused by the seven pathogens.

### Top 5 contributors

#### Illnesses


Norovirus, *Campylobacter*, *Salmonella*, *C. perfringens*, and STEC caused the most illnesses.

#### Hospitalizations

Norovirus, *Campylobacter*, *Salmonella*, STEC, and *Listeria* caused the most hospitalizations.

#### Deaths

*Salmonella*, *Campylobacter*, norovirus, *Listeria*, and STEC caused the most deaths.



# Food Safety

EXPLORE THIS TOPIC ▾

# CDC AMERICANI

## Estimates: Burden of Foodborne Illness in the United States

 Public Health  
MARCH 19, 2025

### Other findings

- Norovirus was the leading cause of domestically acquired foodborne illnesses (5.5 million) and hospitalizations from these illnesses (22,400).
- *Salmonella* was the leading cause of domestically acquired foodborne illnesses resulting in death (238).
- The top five *Salmonella* serotypes causing foodborne illnesses were Enteritidis (23% of *Salmonella* infections), Newport (14%), Typhimurium (11%), I 4,[5],12:i- (7%), and Javiana (7%). These five *Salmonella* serotypes, in order from highest to lowest, also caused the most hospitalizations.
- Non-O157 serogroups caused 76% of STEC illnesses compared with 24% caused by O157 serotypes.
- Invasive *Listeria* caused 1,050 non-pregnancy-associated illnesses and 198 pregnancy-associated illnesses.

Estimated annual number of foodborne illnesses, hospitalizations, and deaths caused by seven major pathogens, United States, circa 2019

Pathogen	Illnesses	Hospitalizations	Deaths
<i>Campylobacter spp.</i>	1,870,000	13,000	197
<i>C. perfringens</i>	889,000	338	41
<i>Listeria</i>	1,250	1,070	172
Norovirus	5,540,000	22,400	174
<i>Salmonella</i>	1,280,000	12,500	238
STEC	357,000	3,150	66
<i>Toxoplasma</i>	NA	848	44
Total	9.9 million*	53,300	931

# ONE HEALTH REPORT ZOONOSI UE - 2023

Approved: 11 November 2024

DOI: 10.2903/j.efsa.2024.9106

SCIENTIFIC REPORT



EFSA JOURNAL

## The European Union One Health 2023 Zoonoses report

European Food Safety Authority (EFSA) | European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC)

Correspondence: [zoonoses@efsa.europa.eu](mailto:zoonoses@efsa.europa.eu)

The declarations of interest of all scientific experts active in EFSA's work are available at <https://open.efsa.europa.eu/experts>

### Abstract

This report by the European Food Safety Authority and the European Centre for Disease Prevention and Control presents the results of zoonoses monitoring and surveillance activities carried out in 2023 in 27 Member States (MSs), the United Kingdom (Northern Ireland) and 10 non-MSs. Key statistics on zoonoses and zoonotic agents in humans, food, animals and feed are provided and interpreted historically. In 2023, the first and second most reported zoonoses in humans were campylobacteriosis and salmonellosis, respectively. For both agents, an increase in the absolute number of cases was observed in comparison with 2022. Fifteen MSs and the United Kingdom (Northern Ireland) reached all the established targets in poultry populations with regard to the reduction in *Salmonella* prevalence for the relevant serovars. *Salmonella* samples from carcasses of various animal species, and samples for *Campylobacter* quantification from broiler carcasses, were more frequently positive when performed by the competent authorities than when own-checks were conducted. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) was the third most reported zoonotic agent in humans, followed by *Yersinia enterocolitica* and *Listeria monocytogenes*. *L. monocytogenes* and West Nile virus infections were the most severe zoonotic diseases, with the highest percentage of hospitalisations among cases and the highest case fatality rates. Twenty-seven MSs and the United Kingdom (Northern Ireland) reported a slight decrease in food-borne outbreaks in 2023 overall in comparison with 2022, although the overall number of reported human cases and hospitalisations increased. *Salmonella* Enteritidis remained the most frequently reported causative agent for reported cases and food-borne outbreaks. *Salmonella* in 'eggs and egg products' was the agent/food pair of most concern. In 2023 this combination caused the largest number of outbreaks and cases among all agent/food combination and ranked second in number of hospitalisations. *Salmonella* was also the causative agent associated with the majority of multi-country outbreaks reported in the EU in 2023. This report also provides updates on brucellosis, echinococcosis, Q fever, rabies, toxoplasmosis, trichinellosis, tuberculosis due to *Mycobacterium bovis* or *M. caprae*, and tularaemia.

### KEYWORDS

*Campylobacter*, food-borne outbreaks, *Listeria*, monitoring, parasites, *Salmonella*, West Nile, zoonoses

Nel 2023, i casi di listeriosi hanno raggiunto il livello più alto dal 2007, mentre la campilobatteriosi e la salmonellosi sono rimaste le malattie zoonotiche più frequentemente segnalate nell'UE.

Nel complesso, i casi segnalati di malattie zoonotiche negli esseri umani sono aumentati, ma i focolai di origine alimentare hanno registrato un leggero calo.

Questi sono i principali risultati del rapporto annuale EU One Health Zoonoses Report redatto dall'EFSA e dall'ECDC.

# ONE HEALTH REPORT ZOONOSI UE - 2023

**TABLE 2** Reported hospitalisations and deaths due to zoonoses in confirmed human cases and among food-borne outbreak cases in the EU, 2023.

[illegible]



## 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 &amp; related cases [EU, 2023]

**229** Foodborne outbreaks **1174** Cases of illness

**27** Strong-evidence outbreaks **90** Hospitalisations (7.7%)\*

**202** Weak-evidence outbreaks

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

## N of outbreaks

Austria **12**  
Belgium **4**  
Bulgaria **0**  
Croatia **3**  
Cyprus **0**  
Czechia **0**  
Denmark **11**  
Estonia **1**  
Finland **0**  
France **63**  
Germany **42**  
Greece **10**  
Hungary **0**  
Ireland **0**  
Italy **15**  
Latvia **0**  
Lithuania **2**  
Luxembourg **0**  
Malta **15**  
Netherlands **7**  
Poland **2**  
Portugal **0**  
Romania **0**  
Slovakia **10**  
Slovenia **0**  
Spain **29**  
Sweden **3**  
UK (N. Ireland) **0**

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

AT | 0.132  
BE | 0.034  
BG | 0  
HR | 0.078  
CY | 0  
CZ | 0  
DK | 0.185  
EE | 0.073  
FI | 0  
FR | 0.092  
DE | 0.050  
EL | 0.096  
HU | 0  
IE | 0  
IT | 0.025  
LV | 0  
LT | 0.070  
LU | 0  
MT | 2.767  
NL | 0.039  
PL | 0.005  
PT | 0  
RO | 0  
SK | 0.184  
SI | 0  
ES | 0.060  
SE | 0.029  
XI | 0


N of outbreak cases  
per 100,000 population

AT | 0.286  
BE | 0.085  
BG | 0  
HR | 0.156  
CY | 0  
CZ | 0  
DK | 2.174  
EE | 0.146  
FI | 0  
FR | 0.635  
DE | 0.145  
EL | 0.288  
HU | 0  
IE | 0  
IT | 0.088  
LV | 0  
LT | 0.140  
LU | 0  
MT | 6.457  
NL | 0.191  
PL | 0.035  
PT | 0  
RO | 0  
SK | 1.216  
SI | 0  
ES | 0.424  
SE | 0.076  
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)

EFSA data

\*\* 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.

## 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 &amp; related cases [EU, 2023]

**1115** Foodborne outbreaks **9210** Cases of illness

**258** Strong-evidence outbreaks **1726** Hospitalisations (18.7%)\*

**857** Weak-evidence outbreaks **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

Austria **21**  
Belgium **7**  
Bulgaria **0**  
Croatia **25**  
Cyprus **0**  
Czechia **17**  
Denmark **18**  
Estonia **6**  
Finland **1**  
France **143**  
Germany **74**  
Greece **37**  
Hungary **12**  
Ireland **5**  
Italy **60**  
Latvia **5**  
Lithuania **8**  
Luxembourg **0**  
Malta **10**  
Netherlands **14**  
Poland **269**  
Portugal **0**  
Romania **5**  
Slovakia **120**  
Slovenia **1**  
Spain **252**  
Sweden **4**  
UK (N. Ireland) **1**

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

AT | 0.231  
BE | 0.060  
BG | 0  
HR | 0.649  
CY | 0  
CZ | 0.157  
DK | 0.303  
EE | 0.439  
FI | 0.018  
FR | 0.210  
DE | 0.088  
EL | 0.355  
HU | 0.125  
IE | 0.095  
IT | 0.102  
LV | 0.266  
LT | 0.280  
LU | 0  
MT | 1.845  
NL | 0.079  
PL | 0.732  
PT | 0  
RO | 0.026  
SK | 2.210  
SI | 0.047  
ES | 0.524  
SE | 0.038  
XI | 0.052

N of outbreak cases  
per 100,000 population


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

Implicated food vehicles  
(Strong-evidence outbreaks)

## 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

EFSA data

\*\* 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.



Diagramma Sankey della distribuzione dei quattro principali sierotipi di Salmonella a livello UE coinvolti nei casi di salmonellosi umana (dati riferiti da specifiche categorie di alimenti per animali, per fonte di alimenti per animali, UE, 2023)

Il lato sinistro del diagramma mostra i quattro sierotipi più comuni di Salmonella coinvolti in casi di salmonellosi umana acquisiti nell'UE:

- S. Enteritidis (azzurro)
- S. Infantis (verde)
- S. Typhimurium (arancione)
- S. Typhimurium monofasico (1,4,[5],12:I:-) (Indaco).

La parte destra mostra le cinque fonti considerate:

- polli da carne (blu)
- bovini (viola)
- suini (verde chiaro)
- tacchini (rosso)
- ovaiole (arancione chiaro)

La larghezza delle bande colorate che collegano le fonti e i sierotipi è proporzionale alla percentuale di isolati di ciascun sierotipo da ciascuna fonte.

# Dalla normativa nazionale ai protocolli aziendali

REGIO DECRETO 27 luglio 1934, n. 1265

Testo Unico delle Leggi Sanitarie

(Testo unico delle leggi sanitarie-art. 254)

**Il sanitario che nell'esercizio della sua professione sia venuto a conoscenza di un caso di malattia infettiva e diffusiva o sospetta di esserlo, pericolosa per la salute pubblica, deve immediatamente farne denuncia al podestà, e all'ufficiale sanitario comunale e coadiuvarli, se occorra, nella esecuzione delle disposizioni emanate per impedire la diffusione delle malattie stesse e nelle cautele igieniche necessarie.**

Il contravventore è punito con l'ammenda da lire trecento a cinquemila, alla quale si aggiunge, nei casi gravi, la pena dell'arresto fino a sei mesi.

Il prefetto adotta o promuove dagli organi competenti i provvedimenti disciplinari del caso.





# NORMATIVA EUROPEA

6.7.2018

IT

Gazzetta ufficiale dell'Unione europea

L 170/1

## II

*(Atti non legislativi)*

## DECISIONI

**DECISIONE DI ESECUZIONE (UE) 2018/945 DELLA COMMISSIONE**

**del 22 giugno 2018**

**relativa alle malattie trasmissibili e ai problemi sanitari speciali connessi da incorporare nella sorveglianza epidemiologica, nonché alle pertinenti definizioni di caso**

**(Testo rilevante ai fini del SEE)**



**Criteri clinici**

Qualsiasi persona che presenti almeno una delle quattro seguenti manifestazioni:

- diarrea,
- febbre,
- dolori addominali,
- vomito.

**Criteri di laboratorio**

Almeno uno dei due seguenti criteri:

- Isolamento della *Salmonella* (escluse *S. Typhi* o *S. Paratyphi*) in un campione clinico.
- Identificazione dell'acido nucleico della *Salmonella* (escluse *S. Typhi* o *S. Paratyphi*) in un campione clinico.

*Nota:* i test di suscettibilità antimicrobica della *Salmonella enterica* devono essere effettuati su un sottoinsieme rappresentativo di isolati.

**Criteri epidemiologici**

Almeno una delle cinque seguenti correlazioni epidemiologiche:

- trasmissione interumana,
- esposizione a una fonte comune,
- trasmissione da animale a uomo,
- esposizione ad alimenti o ad acqua da bere contaminati,
- esposizione ambientale.

**Classificazione dei casi**

A. Caso possibile N. A.

B. Caso probabile

Qualsiasi persona che soddisfi i criteri clinici, con una correlazione epidemiologica.

C. Caso confermato

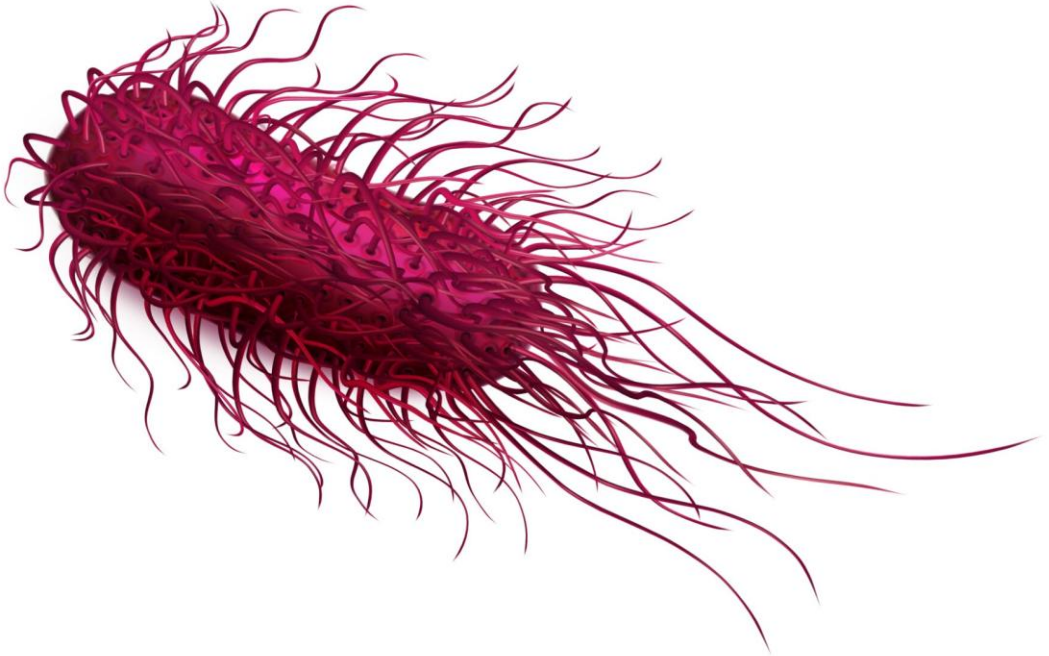
Qualsiasi persona che soddisfi i criteri clinici e di laboratorio.

*Nota:* se il sistema nazionale di sorveglianza non registra i sintomi clinici, tutti i casi confermati in laboratorio devono essere dichiarati come casi confermati.

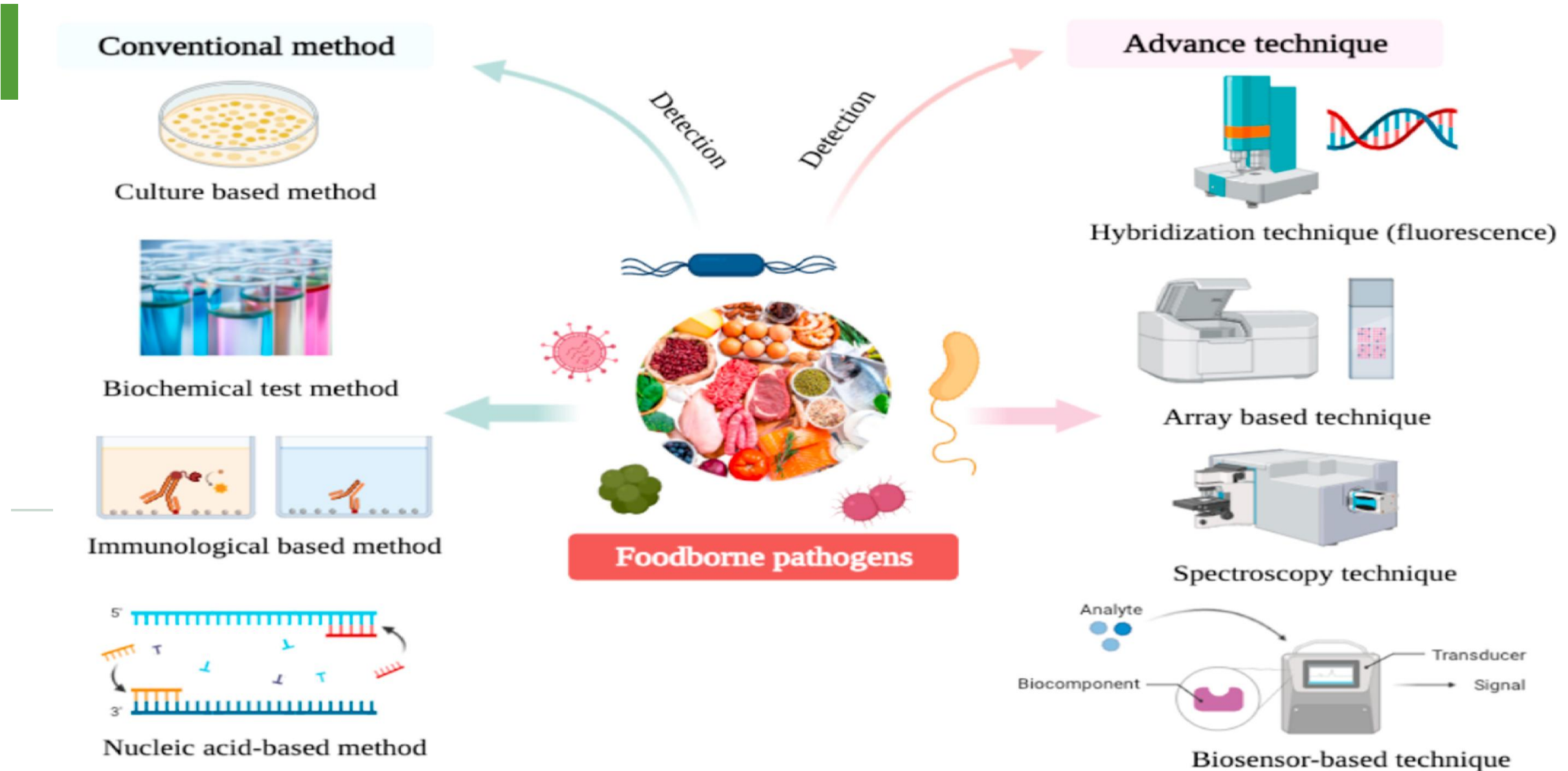
**Resistenza antimicrobica**

I risultati dei test di suscettibilità antimicrobica devono essere dichiarati secondo i metodi e i criteri concordati tra l'ECDC e gli Stati membri, come precisato nel protocollo dell'UE per il monitoraggio armonizzato della resistenza antimicrobica negli isolati umani di *Salmonella* e *Campylobacter* (1).

# NORMATIVA EUROPEA



# ESAMI DI LABORATORIO – DIAGNOSI EZIOLOGICA



CODICE ICD9-CM - MALATTIA
022 – ANTRACE
088.81 – BORRELIOSI
005.1 – BOTULISMO
023 – BRUCELLI
001 – COLERA
007.4 – CRIPTOSPORIDIOSI
061 – DENGUE
110 – DERMATOFITOSI
032 – DIFTERITE
122 – ECHINOCOCCOSI
063 – ENCEFALITE VIRALE DA ZECHE
064 – ENCEFALITE VIRALE TRASMESSA DA ARTROPODI
070.1 – EPATITE VIRALE A
070.3 – EPATITE VIRALE B
070.51 – 070.54 - EPATITE VIRALE C
070.52 – EPATITE VIRALE D
070.53 – EPATITE VIRALE E
070.9 – EPATITI VIRALI ACUTE ALTRE
066.3 – CHIKUNGUNYA
078.89 – FEBBRE EMORRAGICA VIRALE
060 – FEBBRE GIALLA
083.0 – FEBBRE Q
002 – FEBBRE TIFOIDE E PARATIFOIDE
066.4 – FEBBRE VIRALE WEST NILE
007.1 – GIARDIASI
053 – HERPES ZOSTER
099.5 – INFEZIONE DA CHLAMYDIA
098 – INFEZIONE GONOCOCCICA (BLENORRAGIA)
008.43 – INFEZIONE INTESTINALE DA CAMPYLOBACTER
008.04 – INFEZIONE INTESTINALE DA ESCHERICHIA COLI PRODUTTORE DELLA SHIGA/VEROCITOSSINA (STEC/VTEC) INCLUSA SEU
041.3 – 041.4 INFEZIONI DA ENTEROBATTERI PRODUTTORI DI CARBAPENEMASI (CPE)
008.44 – INFEZIONE INTESTINALE DA YERSINIA ENTEROCOLITICA
003 – INFEZIONI DA SALMONELLA
008.45, 008.61, 008.62, 008.63, 008.67 INFEZIONI – 005.0, 005.2, 005.4, 005.81, 005.89, TOSSINFEZIONI DI ORIGINE ALIMENTARE
487 – INFLUENZA
480.8 – INFLUENZA AVIARIA
030 – LEBBRA
482.84 – LEGIONELLOSI

# DECRETO PREMAL

DECRETO 22 luglio 2022 del Ministero della Salute.  
Modifica del decreto 7 marzo 2022 concernente il Sistema di segnalazione della malattie infettive (PREMAL).

CODICE ICD9-CM - MALATTIA
085.9 – LEISHMANIOSI CUTANEA
085.0 – LEISHMANIOSI VISCERALE
100 – LEPTOSPIROSI
099.1 – LINFOGRANULOMA VENEREO
027.0 – LISTERIOSI
084.0 – 084.6 - MALARIA
320 – 320.0 - 036.0 – 320.1 MALATTIA BATTERICA INVASIVA
046.1 – MALATTIA DI JAKOB-CREUTZFELDT
047, 047.0, 047.8, 047.9 – MENINGITI VIRALI
031 – MICOBATTERIOSI NON TUBERCOLARE
055 – MORBILLO
072 – PAROTITE EPIDEMICA
132 – PEDICULOSI E FTIRIASI
033 – PERTOSSE
020 – PESTE
045 – POLIOMIELITE ACUTA
073.0 – POLMONITE DA PSITTACOSI
071 – RABBIA
082 – RICKETTSIOSI
056 – ROSOLIA
771.0 – ROSOLIA CONGENITA
647.5 – ROSOLIA IN GRAVIDANZA
133.0 – SCABBIA
034.1 – SCARLATTINA
004 – SHIGELLOSI
480.3 – SINDROME RESPIRATORIA MEDIO ORIENTALE (Mers-CoV)
091 – SIFILIDE
090 – SIFILIDE CONGENITA
037 – TETANO
080 – TIFO [EPIDEMICO] DA PIDOCCHI
130 – TOXOPLASMOSI
771.2 – TOXOPLASMOSI CONGENITA
124 – TRICHINELLOSI
011, 012-012.8, 013-013.9, 014, 015-015.9, 016-016.9, 017- 017.8, 018-018.9 – TUBERCOLOSI
021 – TULAREMIA
050 – VAILOLO
052 – VARICELLA
057.8 VAILOLO DELLE SCIMMIE (Monkeypox)
066.3 – ZIKA
066.3 – ZIKA CONGENITA
000.0 (*) INFEZIONI CORRELATE ALL’ASSISTENZA (ICA) (*) Codice provvisorio non ICD9-CM



Trichinellosi	Trichinellosi	124
Tubercolosi	Tubercolosi polmonare	011
	Altre forme di tubercolosi dell'apparato respiratorio (escluso TB respiratoria SAI)	012-012.8
	Tubercolosi delle meningi e del sistema nervoso centrale	013-013.9
	Tubercolosi dell'intestino, del peritoneo e delle ghiandole mesenteriche	014
	Tubercolosi delle ossa e delle articolazioni	015-015.9
	Tubercolosi dell'apparato genitourinario	016-016.9
	Tubercolosi degli altri organi	017-017.8
	Tubercolosi miliare	018-018.9
Tularemia	Tularemia	021
Vaiolo	Vaiolo	050
Vaiolo delle scimmie	Vaiolo delle scimmie	059.01
Varicella	Varicella	052
Infezione da virus Zika	Infezione da virus Zika	066.3
Infezione da virus zika congenita	Infezione da virus Zika congenita	066.3
Infezione da virus West Nile	Infezione da virus West Nile	066.4
Infezione da Yersinia enterocolitica	Infezione da Yersinia enterocolitica	008.44
Infezioni e tossinfezioni di origine alimentare e diarree infettive	Infezione intestinale da Clostridium difficile (colite pseudomembranosa)	008.45
	Enterite da Rotavirus	008.61
	Enterite da Adenovirus	008.62
	Enterite da Norwalk virus	008.63
	Enterite da Enterovirus NIA (Coxsackie virus, Echovirus; escluso Poliovirus)	008.67
	Altre intossicazioni alimentari batteriche (escluso infezioni da Salmonella)	005.0
	Intossicazione alimentare da Clostridium perfringens (Clostridium welchii)	005.2
	Intossicazione alimentare da Vibrio parahaemolyticus	005.4
	Intossicazione alimentare da Vibrio vulnificus	005.81
	Intossicazione alimentare dovuta a Bacillus cereus	005.89
Infezioni correlate all'assistenza (ICA)	Infezioni correlate all'assistenza (ICA)	000.0*

\*codice provvisorio non ICD9-CM

L'applicativo SMI permette la segnalazione, non prevista dal sistema PREMAL, dell'infezione da SARS-CoV-2, come da tabella sotto riportata:

Classe SMI	Patologie comprese nella classe	ICD9-CM
Coronavirus COVID-19	Infezione da SARS-CoV-2	043



# Dalla normativa nazionale ai protocolli aziendali

## Classificazione dei casi di malattia infettiva nel Sistema PREMAL

Il Sistema Premal, **recepando la Decisione di esecuzione (UE) 2018/945 della Commissione Europea** prevede una classificazione dei casi di malattia infettiva secondo una specifica nomenclatura, ossia come "possibile", "probabile" e "confermato" secondo la presenza di specifici criteri clinici, epidemiologici o di laboratorio.

- **Caso possibile:** Si tratta solitamente di un caso che soddisfa i **criteri clinici**, come descritti nella definizione del caso, ma per il quale non esistono prove epidemiologiche o di laboratorio della malattia in questione. La definizione di un caso possibile è molto sensibile e poco specifica. Permette di individuare la maggior parte dei casi, ma in tale categoria saranno inclusi anche alcuni casi falsi positivi (FP).
- **Caso probabile:** Si definisce probabile un caso classificato come probabile ai fini della dichiarazione. Si tratta solitamente di un caso che soddisfa i **criteri clinici e presenta una correlazione epidemiologica**, come descritti nella definizione del caso. I test di laboratorio per i casi probabili vengono precisati solo per alcune malattie.
- **Caso confermato:** Si definisce confermato un caso classificato come confermato ai fini della dichiarazione. I casi confermati sono **casi confermati in laboratorio**, che, per tale motivo, non devono necessariamente soddisfare i criteri clinici, come descritti nella definizione del caso. La definizione di un caso confermato è altamente specifica e meno sensibile; motivo per cui la maggior parte dei casi riferiti sarà vera, anche se alcuni di essi non verranno individuati.

# Dalla normativa nazionale ai protocolli aziendali

## PATOLOGIE CHE GENERANO ALLERTA

- ❑ DECRETO 7 marzo 2022 del Ministero della Salute  
**Revisione del sistema di segnalazione delle malattie infettive (PREMAL)**

Art. 5.

Modalità della segnalazione

1. I casi di malattie infettive devono essere segnalati secondo le seguenti tempistiche:

a) per le segnalazioni dei casi di malattie infettive che generano allerta di cui all'art. 1, comma 1, lettera b):

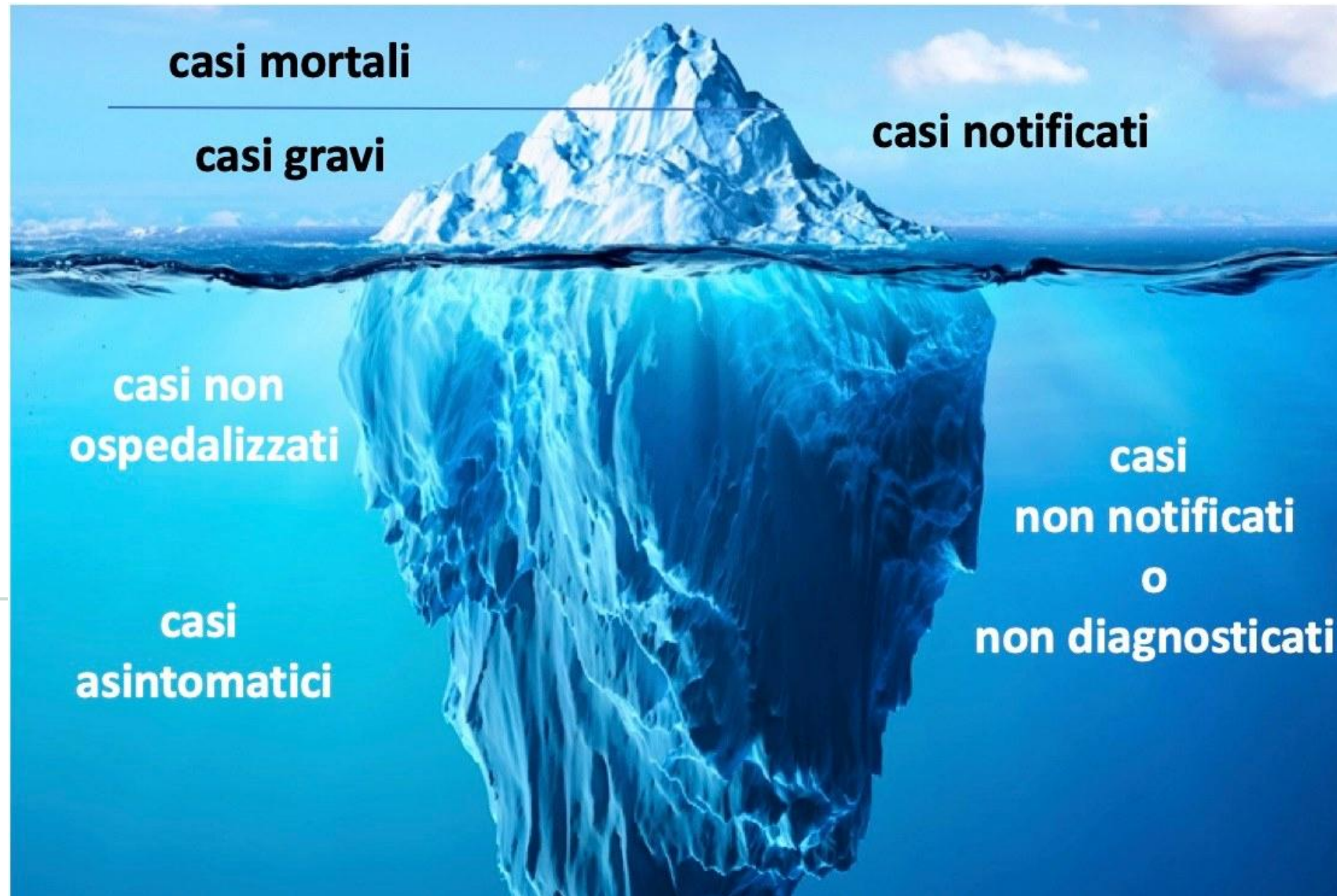
il medico segnala all'Azienda sanitaria il caso sospetto entro dodici ore;

la competente struttura sanitaria dell'Azienda sanitaria, individuata da apposito atto aziendale, alimenta il sistema PREMAL entro ventiquattro ore;

b) per le segnalazioni dei casi delle restanti malattie infettive:

il medico segnala all'Azienda sanitaria il caso sospetto entro quarantotto ore; la competente struttura sanitaria dell'Azienda sanitaria, individuata da apposito atto aziendale, alimenta il sistema PREMAL entro sette giorni.

# SOTTONOTIFICA - ICEBERG









# MULTIDISCIPLINARIETÀ

Gestione integrata malattie a trasmissione alimentare



**Regione Lombardia**

DECRETO N. 19287

Del 30/12/2022

Identificativo Atto n. 1101

DIREZIONE GENERALE WELFARE

Oggetto

INDIRIZZI REGIONALI PER LA GESTIONE INTEGRATA DELLE MALATTIE A TRASMISSIONE ALIMENTARE

## 1. SCOPO E CAMPO DI APPLICAZIONE

La presente procedura definisce criteri e modalità comuni per la gestione dei casi sporadici ed epidemici di Malattie a Trasmissione Alimentare (MTA) in tutte le ATS Lombarde, al fine di garantire omogeneità di comportamenti ed equità di trattamento nei confronti dei cittadini su tutto il territorio.

Tale procedura si applica a seguito di:

- segnalazioni di casi sospetti di malattia con sintomatologia riferibile al consumo di alimenti o bevande, comprese le acque destinate al consumo umano, da parte dei medici segnalatori del SSR
- ricezione di informazioni riferibili al consumo di alimenti o bevande, comprese le acque destinate al consumo umano, sospetti di generare una MTA da parte di altre enti/attori (es. forze dell'ordine, NAS, cittadini, imprese alimentari, ecc.)
- ricezione di esiti di esami diagnostici positivi.

Obiettivo è la gestione ordinata, integrata e multidisciplinare dell'episodio, sospetto o accertato, al fine di migliorare la qualità dei risultati ottenuti, soprattutto per quanto riguarda l'individuazione dell'agente eziologico, dell'alimento e dei fattori di rischio coinvolti, da parte di:

- Medici segnalatori del SSR (es. MMG/PLS, medici di PS, medici ospedalieri, medici di continuità assistenziale, medici di RSA/UDO territoriale, ecc.)
- ATS: Direttore Dipartimento Igiene e Prevenzione Sanitaria, Direttore Dipartimento Veterinario, Unità Organizzativa Malattie Infettive, Unità Organizzativa di Igiene degli Alimenti e Nutrizione e Unità Organizzativa di Igiene degli Alimenti di Origine Animale, Laboratori di Prevenzione
- Laboratori clinici, universitari, IZSLER e CAV
- istituzioni, FF.OO., Direzioni scolastiche, collettività, imprese alimentari, cittadini che comunicano e/o allertano per casi singoli o plurimi di malattia a sospetta eziologia alimentare in una comunità
- Regione Lombardia (DG Welfare UO Prevenzione e UO Veterinaria) per il coordinamento delle attività nei casi previsti
- Regione Lombardia (DG Welfare UO Prevenzione) per la sorveglianza epidemiologica attraverso il nuovo sistema regionale di sorveglianza delle malattie infettive (SMI).

# MULTIDISCIPLINARIETÀ

Di seguito si precisano le responsabilità dei differenti professionisti coinvolti nel processo:

RESPONSABILITÀ	ATTIVITÀ
Assistenti Sanitari/Infermieri	Svolgimento dell'inchiesta epidemiologica ed azioni nei confronti delle persone coinvolte. Implementazione di SMI
Componenti team multidisciplinare	Realizzazione dei compiti loro assegnati
Direttori delle UO coinvolte	Governo delle competenze delle proprie UOS/UOSD
Medico ATS reperibile	Valutazione e validazione MTA a segnalazione immediata e rilevanza epidemica, raccolta dati preliminari utili a consentire l'adozione di misure efficaci di sanità pubblica; informazione delle azioni intraprese al Direttore DIPS/DVSAOA e a MI
Medico segnalatore	Effettuazione della segnalazione tramite SMI, monitorare lo stato della segnalazione effettuata
Medici MI	Valutazione e validazione segnalazione, valutazione esiti inchiesta epidemiologica per adozione di misure efficaci di sanità pubblica, informazione e richiesta di collaborazione a altre UO per controllo ufficiale settore alimentare, analisi esiti e valutazione finale del caso, comunicazione e relazione finale casi epidemici
LP/IZSLER/Laboratori clinici/CAV	Effettuazione analisi su campioni ambientali e umani
Personale IAN e IAOA	Realizzazione dei controlli loro assegnati
Regione Lombardia UO Prevenzione	Validazione dei dati, monitoraggio delle attività, effettuazione audit
Regione Lombardia UO Prevenzione e UO Veterinaria	Coordinamento delle attività nei casi con cluster regionali
Responsabile UO MI	Coordinatore del team multidisciplinare
Responsabili UO IAN e IAOA	Gestione delle azioni conseguenti nel proprio ambito territoriale
Struttura/ente/cittadino	Comunicazione di una o più notizie relative ad una malattia trasmissibile



# MULTIDISCIPLINARIETÀ

Il team base è composto dalle seguenti figure professionali che operano all'interno dell'ATS di riferimento:

- Medico referente MI, che assumerà il ruolo di COORDINATORE
- Medico Veterinario
- Dirigente referente IAN
- Assistente Sanitario UO MI
- Tecnico della Prevenzione IAN - IAOA
- Dirigente referente del laboratorio di analisi alimenti (ATS/IZSLER).

Ulteriori figure a supporto del team base sono:

- Medici ospedalieri delle UO che seguono direttamente i casi ricoverati e le Direzioni Sanitarie coinvolte
- Medici di assistenza primaria o pediatri di libera scelta
- Utente regionale (UO Prevenzione e UO Veterinaria)
- Referente della comunicazione ATS
- Responsabili delle strutture ATS coinvolte
- Ufficio epidemiologico ATS
- Micologo ATS
- Responsabili dei laboratori clinici
- Responsabili dei laboratori di genotipizzazione
- Responsabile del CAV





## Original Paper

## Machine Learning Prediction of Foodborne Disease Pathogens: Algorithm Development and Validation Study

Hanxue Wang<sup>1,2</sup>, ME; Wenjuan Cui<sup>1</sup>, PhD; Yunchang Guo<sup>3</sup>, PhD; Yi Du<sup>1,2</sup>, PhD; Yuanchun Zhou<sup>1,2</sup>, PhD

<sup>1</sup>Computer Network Information Center, Chinese Academy of Sciences, Beijing, China

<sup>2</sup>Chinese Academy of Sciences University, Beijing, China

<sup>3</sup>China National Center for Food Safety Risk Assessment, Beijing, China

### Corresponding Author:

Yi Du, PhD

Computer Network Information Center

Chinese Academy of Sciences

No 4, South Fourth Street

Zhongguancun, Haidian District

Beijing, 100190

China

Phone: 86 15810134970

Email: [duyi@cnic.cn](mailto:duyi@cnic.cn)

### Abstract

**Background:** Foodborne diseases have a high global incidence; thus, they place a heavy burden on public health and the social economy. Foodborne pathogens, as the main factor of foodborne diseases, play an important role in the treatment and prevention of foodborne diseases; however, foodborne diseases caused by different pathogens lack specificity in their clinical features, and there is a low proportion of actual clinical pathogen detection in real life.

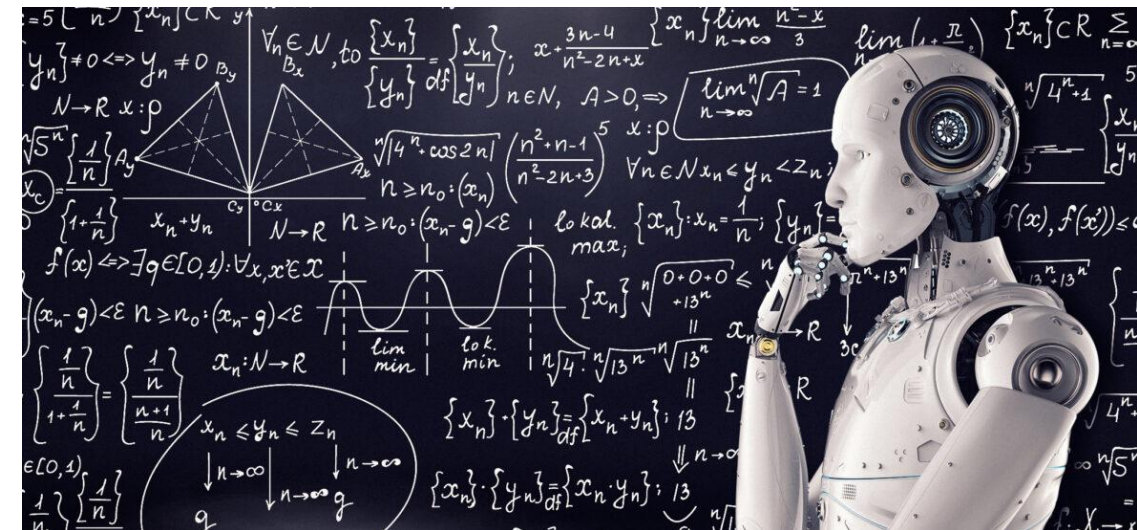
**Objective:** We aimed to analyze foodborne disease case data, select appropriate features based on analysis results, and use machine learning methods to classify foodborne disease pathogens to predict foodborne disease pathogens for cases where the pathogen is not known or tested.

**Methods:** We extracted features such as space, time, and exposed food from foodborne disease case data and analyzed the relationships between these features and the foodborne disease pathogens using a variety of machine learning methods to classify foodborne disease pathogens. We compared the results of four models to obtain the pathogen prediction model with the highest accuracy.

**Results:** The gradient boost decision tree model obtained the highest accuracy, with accuracy approaching 69% in identifying 4 pathogens: Salmonella, Norovirus, Escherichia coli, and Vibrio parahaemolyticus. By evaluating the importance of features such as time of illness, geographical longitude and latitude, and diarrhea frequency, we found that these features play important roles in classifying foodborne disease pathogens.

**Conclusions:** Data analysis can reflect the distribution of some features of foodborne diseases and the relationships among the features. The classification of pathogens based on the analysis results and machine learning methods can provide beneficial support for clinical auxiliary diagnosis and treatment of foodborne diseases.

(JMIR Med Inform 2021;9(1):e24924) doi: [10.2196/24924](https://doi.org/10.2196/24924)





# ESEMPIO GESTIONE MTA

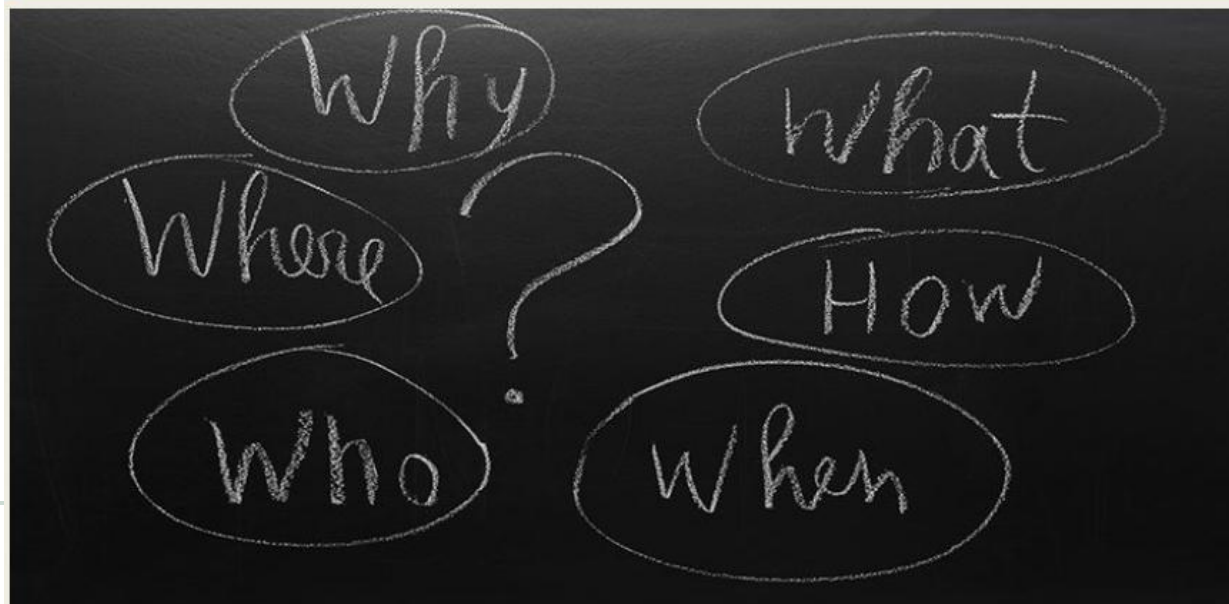
5 Maggio 2024

A una struttura semplice di malattie infettive della Lombardia arriva una segnalazione di salmonella a carico di un bambino di 5 anni – ospedalizzato, ricoverato in pediatria dell'ospedale X situato in Lombardia.

Il referto riporta una positività a **Salmonella Typhimurium**.

Dall'inchiesta epidemiologica emerge che il **1 maggio** il bambino è stato con dei familiari in un agriturismo (in Lombardia).

## Questions to Ask



# ESEMPIO GESTIONE MTA

- ❑ Il nucleo familiare composto da 4 persone ha consumato al ristorante **gli stessi alimenti**: salumi e gnocco fritto, gnocchetti verdi con salsa al formaggio, brasato di manzo con polenta e budino al cioccolato.
- ❑ Alla luce della sintomatologia di tutti i componenti del nucleo familiare, **è stata loro consigliata l'esecuzione di coproculture.**

# ESEMPIO GESTIONE MTA

9 Maggio 2024

Un medico della medesima struttura semplice delle malattie infettive riceve una telefonata dalla pediatria e dall'ufficio igiene di **un altro piccolo ospedale y** (distante 35 km dall'ospedale del primo caso – sempre in Lombardia) per informarlo che stanno ricoverando 4 bambini con **sintomi gastroenterici**.

- ☐ Sollecitata segnalazione di malattia infettiva
- ☐ Richiesti esami di laboratorio per la ricerca dell'agente eziologico
- ☐ Effettuata inchiesta epidemiologica



# ESEMPIO GESTIONE MTA

9 Maggio 2024

3 dei 4 casi avevano mangiato al **medesimo ristorante** dove aveva mangiato il primo caso in data **5 e 6 maggio 2024**

**Un caso non aveva mangiato al ristorante**, ma era **figlio di una dipendente** del ristorante che aveva portato al domicilio parte del cibo rimasto.

Le coproculture sono risultate positive a **Salmonella** (non disponibile la tipizzazione) – avviato iter per tipizzazione e genotipizzazione

I 5 casi ricoverati avevano in comune il consumo di gnocco fritto e affettati, su cui si è concentrato il sospetto.

Richiesto sopralluogo congiunto SIAN – Dipartimento Veterinario

# ESEMPIO GESTIONE MTA

9 maggio 2024

**Salami:** nel controllo verbalizzato è evidenziata la presenza di **25 salami e mezzo, mancanti di tracciabilità**, presumibile la provenienza desunta da interrogazione del presenziante.

la documentazione presentata dall'operatore, non presente sui salami, indicherebbero come sede produttiva uno stabilimento attivo nel territorio di competenza della struttura semplice delle malattie infettive.

**Concordato con IZSLER approfondimento diagnostico.**

# ESEMPIO GESTIONE MTA

12 maggio 2024

Ulteriore segnalazione di salmonellosi di una **persona adulta** ricoverata nell'ospedale y

- ☐ Referto positivo per salmonella (non tipizzata)
- ☐ La persona riferisce di essersi recata nel medesimo ristorante in data 5 maggio 2024, con altri **5 commensali**. I vari commensali hanno consumato i seguenti alimenti: gnocco fritto, **salame**, prosciutto crudo, spalla cotta, patate al forno, giardiniera, torta al cioccolato, tortelli di zucca, arrosto, polenta fritta, zucca fritta, torta alla panna, gnocchetti con fonduta.



# ESEMPIO GESTIONE MTA

13/05/2024

MALATTIE INFETTIVE: il focolaio è costituito da 6 casi ricoverati, di cui 4 persone già dimessi, 1 caso in dimissione e 1 caso ancora ricoverato per la presenza di scariche diarroiche) - sono stati individuati 17 contatti (10 sintomatici e 7 asintomatici): proposta la coprocoltura a tutti.

14/05/2024

IZSLER:

L'istituto ha trasmesso l'esito dello screening RT-PCR per *Salmonella* spp. sui 26 campioni di salami: sono risultati positivi 1 campione intero, e quello rappresentato da un salame tagliato a metà.

Seguirà quindi la conferma microbiologica con ISO 6579.

# ESEMPIO GESTIONE MTA

14/05/2024

## **VETERINARI:**

Il Dipartimento Veterinario ha attivato l'allerta.

Sono state eseguite verifiche sia presso l'attività che vendeva i salami sia presso il Salumificio che ha prodotto i salami

Sono stati messi in "Blocco Sanitario" presso entrambi gli stabilimenti i salami riferibili ai lotti coinvolti nel caso di MTA.

Vista la mancanza di etichettatura sui prodotti rinvenuti i lotti sono stati presunti sulla base dei riscontri documentali

Assicurate operazioni di rintraccio e di Richiamo dei prodotti coinvolti e distribuiti anche presso altri esercizi. Molti salami tuttavia sono stati dichiarati "venduti al dettaglio".

# ESEMPIO GESTIONE MTA

**21/05/2024**

**IZSLER:** comunica la conclusione con esito positivo della conferma microbiologica con ISO 6579, confermando la positività per *Salmonella* spp. dei 2 campioni di salame sui 26 totali



# ESEMPIO GESTIONE MTA

**06/06/2024**

**MALATTIE INFETTIVE:** IZSLER Parma informa che è emerso che uno stipite di Salmonella enterica serovar Typhimurium var. Monofasica conferita a IZSLER da un ospedale della Regione Emilia Romagna risulta isolato da feci di paziente (anno di nascita: 2008) residente nell'area di competenza della Struttura Semplice di Malattie dei casi precedenti e associato epidemiologicamente a focolaio.

Le analisi genomiche condotte presso IZSLER (con metodiche cgMLST) hanno evidenziato un'elevata similarità genetica dell'isolato proveniente dall'ospedale dell'Emilia Romagna con:

- 5 stipiti di salmonella isolati da controllo ufficiale in uno dei salami (n.26) prelevati il 10/05/2024;
- 1 stipite conferito a IZSLER dal Centro di Riferimento Enteropatogeni della Lombardia che si riferisce a isolamento da feci del primo paziente del focolaio.

# CONCLUSIONI

- ❑ **È fondamentale conoscere l'epidemiologia delle MTA**
- ❑ **Le malattie infettive sono sicuramente sottostimate – importante alimentare la cultura della notifica della malattia infettiva**
- ❑ **Importante integrare i dati di laboratorio e monitorare la letteratura grigia**
- ❑ **Per la gestione delle MTA è fondamentale un approccio e un team multidisciplinare, la tempestività dell'azione (inchiesta e sopralluoghi), la formazione degli operatori che si dedicano a tali attività**
- ❑ **È cruciale avere dati di laboratorio (identificazione del microrganismo sia su campioni umani che negli alimenti e garantire tipizzazioni e...genotipizzazioni)**



[luigi\\_vezzosi@regione.lombardia.it](mailto:luigi_vezzosi@regione.lombardia.it)