



UNIVERSITÀ DEL PIEMONTE ORIENTALE

Dipartimento di Scienze e Innovazione Tecnologica

*Corso di Laurea Magistrale in Biologia: curriculum Biomedico e
Biomolecolare*

Valutazione epidemiologica retrospettiva delle infezioni gastrointestinali
mediante approccio sindromico multiplex

Relatore: Dott.ssa Giorgia Novello

Correlatore: Dott. Andrea Rocchetti

Correlatore: Dott. Paolo Bottino

Candidato: Roberta Rettegno

Anno accademico 2025/2026



UNIVERSITÀ DEL PIEMONTE ORIENTALE

Dipartimento di Scienze e Innovazione Tecnologica

*Corso di Laurea Magistrale in Biologia: curriculum Biomedico e
Biomolecolare*

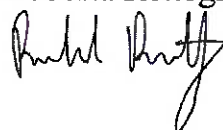
Valutazione epidemiologica retrospettiva delle infezioni gastrointestinali
mediante approccio sindromico multiplex

Relatore: Dott.ssa Giorgia Novello 

Correlatore: Dott. Andrea Rocchetti 

Correlatore: Dott. Paolo Bottino 

Candidato: Roberta Rettegno



Anno accademico 2025/2026

INDICE

1. INTRODUZIONE.....	7
1.1. Infezioni gastrointestinali.....	7
1.2. Epidemiologia.....	7
1.2.1. Epidemiologia a livello mondiale	7
1.2.2. Epidemiologia europea.....	8
1.2.3. Epidemiologia in Italia	9
1.3. Microrganismi.....	11
1.3.1. Batteri	11
1.3.2. Virus	20
1.3.3. Parassiti	24
1.4. Fattori di rischio.....	27
1.5. Sintomatologia.....	29
1.6. Diagnostica	33
1.7. Prevenzione	37
2. SCOPO DEL LAVORO	40
3. MATERIALI E METODI.....	41
3.1. Raccolta del campione	41
3.2. BioFire FilmArray Gastrointestinal (GI) Panel	43
3.3. Gestione e preparazione dei campioni clinici	44
3.3.1. Procedura	44
3.3.2. Report finale	47
3.4. TrakCare	49
4. RISULTATI.....	50
4.1. Positività, sesso ed età dei pazienti inclusi nello studio.....	50
4.2. Reparti di provenienza	52
4.3. Stagionalità campioni positivi.....	53
4.4. Microrganismi identificati con FilmArray Gastrointestinal Panel	54
4.4.1. Microrganismo per fascia d'età.....	55
4.4.2. Stagionalità dei microrganismi isolati	56
4.4.3. Coinfezioni	58
4.5. Sintomatologia.....	64
4.5.1. Sintomatologia in relazione ai microrganismi	64
4.5.2. Sintomi riportati alle diverse fasce d'età	67

5. DISCUSSIONE	69
6. CONCLUSIONE.....	78
7. BIBLIOGRAFIA.....	81
8. SITOGRAFIA	92

1. INTRODUZIONE

1.1. Infezioni gastrointestinali

Le infezioni gastrointestinali rappresentano un importante problema di salute pubblica a livello mondiale e sono spesso associati ad elevati tassi di morbilità e, in alcuni casi, di mortalità (*Lamps, 2009*). Sebbene nella maggior parte dei casi sono condizioni autolimitanti che si risolvono spontaneamente in tempi brevi, l'evoluzione clinica può essere più grave in specifiche popolazioni come bambini, anziani, soggetti con sistema immunitario compromesso o depresso, o con patologie croniche (*Burd and Hinrichs, 2015*).

1.2. Epidemiologia

1.2.1. Epidemiologia a livello mondiale

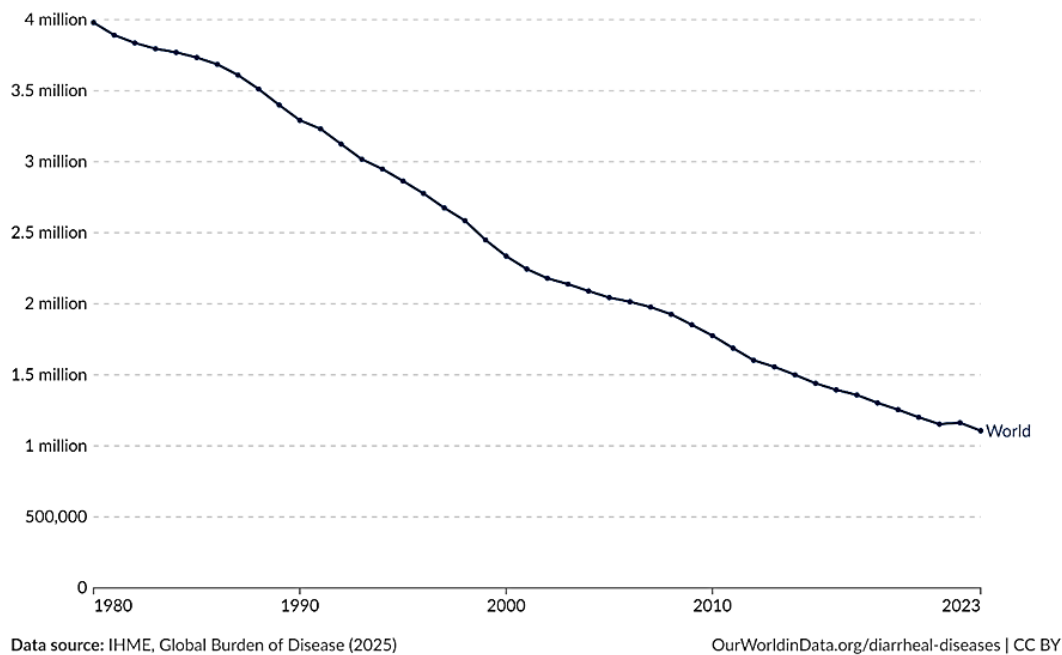
A causa della variabilità del quadro clinico e del conseguente mancato ricorso ai servizi sanitari in alcuni casi, che pertanto non vengono diagnosticati mediante accertamenti microbiologici, risulta complesso stimare la reale entità del fenomeno, che può pertanto essere significativamente sottostimato (*Scavia et al., 2012*). Per questo motivo, la rilevanza clinica di queste infezioni trova conferma nei dati epidemiologici, che ne evidenziano l'ampia diffusione nella popolazione, rendendo particolarmente importante la valutazione dell'incidenza e della frequenza. A livello globale, l'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) identifica le malattie diarroiche come la terza causa di morte nei bambini di età compresa tra 1 e 59 mesi. Ogni anno si registrano quasi 1,7 miliardi di episodi di malattia diarroica infantile, che si stima siano responsabili di circa 443.832 decessi nei bambini di età inferiore ai 5 anni. A questi si aggiungono ulteriori 50.851 decessi nella fascia di età compresa tra 5 e 9 anni (*World Health Organization, 2024*).

Nonostante l'elevato impatto della malattia, i dati più recenti del Global Burden of Disease (GBD), condotto dall'Institute for Health Metrics and Evaluation (IHME), evidenziano una sostanziale diminuzione dei decessi per le malattie diarroiche in tutte le fasce d'età (Figura 1). Tuttavia, il tasso di mortalità tra i bambini al di sotto dei 5 anni di età rimane il più elevato, seguito poi dagli ultrasessantenni, con i valori più elevati in Asia meridionale (*Institute for Health Metrics and Evaluation, 2024*).

Diarrheal disease deaths 1980 to 2023



Estimated annual number of deaths from diarrheal diseases¹.



1. Diarrheal diseases Diarrheal diseases are a group of illnesses that are usually caused by viral, bacterial, or protist infections. They tend to be spread through contaminated food or drinking water, or between people through the fecal-oral route or direct contact. There are many public health measures that can prevent diarrheal disease, including sanitation, clean drinking water, pasteurization, food safety, and hand washing with soap.

Figura 1. Numero stimato di decessi per malattie diarroiche (www.ourworldindata.org/grapher/deaths-from-diarrheal-diseases)

La rilevanza del fenomeno emerge ulteriormente considerando le malattie di origine alimentare, che rappresentano una componente rilevante delle infezioni gastrointestinali. Secondo le stime dell'OMS pubblicate nel 2026, nel 2021 l'esposizione ad alimenti contaminati ha causato circa 866 milioni di casi di malattia e circa 1,52 milioni di decessi. Tuttavia, questo tipo di patologie non è distribuito in maniera uniforme in tutta la popolazione poiché i bambini di età inferiore ai 5 anni, nonostante rappresentino il 9% della popolazione mondiale, sono responsabili del 29% del carico sanitario dovuto a cibi contaminati (*World Health Organization, 2026*).

1.2.2. Epidemiologia europea

Anche nel contesto europeo, le infezioni gastrointestinali ricoprono un ruolo rilevante per la salute pubblica e la sorveglianza epidemiologica si basa su sistemi coordinati tra Stati membri e le istituzioni europee. Ogni anno, l'EFSA e l'ECDC elaborano il rapporto

European Union One Health Zoonoses Report, che raccoglie e integra i dati relativi alla presenza e alla diffusione delle zoonosi. Il rapporto del 2024 ha evidenziato un aumento dei focolai di origine alimentare rispetto all'anno precedente, così come il numero di persone coinvolte e ospedalizzate (*European Centre for Disease Prevention and Control and European Food Safety Authority, 2025*).

1.2.3. Epidemiologia in Italia

In Italia, la valutazione dell'epidemiologia delle infezioni gastrointestinali si basa principalmente sui dati raccolti attraverso i sistemi di sorveglianza epidemiologica, che consentono di monitorare la diffusione delle infezioni, la distribuzione dei casi e le variazioni nel tempo. Tuttavia, la sorveglianza presenta alcune difficoltà, poiché il numero di casi che viene registrato ufficialmente è sottostimato a causa della natura lieve ed autolimitante di alcune manifestazioni cliniche. Questo determina un mancato esame diagnostico con la successiva non identificazione dell'agente responsabile dell'infezione. Infatti, l'Istituto Superiore di Sanità (ISS) ha evidenziato come i sistemi di sorveglianza e diagnostica forniscano informazioni importanti sulla circolazione dei patogeni enterici, pur presentando dei limiti nella stima complessiva delle gastroenteriti acute. La sottostima deve quindi essere tenuta in considerazione nell'interpretazione dei dati epidemiologici.

La raccolta dei dati relativi alla sorveglianza ufficiale delle gastroenteriti infettive inizia nel 1992. Tra il 1992 e il 2009, il numero di casi segnalati è aumentato da 2,7 a 5,8 casi per 100.000 abitanti e la fascia di età maggiormente colpita è quella compresa tra gli 0 e i 14 anni (*Graziani et al., 2012*). Nonostante queste segnalazioni, il numero reale degli episodi sembra essere molto più elevato. Nel periodo 2008-2009 è stata stimata un'incidenza di 1,08 episodi di malattia gastrointestinale acuta per persona all'anno, paragonabile ad oltre 4 milioni di episodi al mese. La maggior parte di questi episodi aveva una durata limitata e si risolveva spontaneamente e questo è il motivo per il quale molti episodi non venivano diagnosticati né registrati dai sistemi di sorveglianza (*Scavia et al., 2012*).

Come riportato nel paragrafo precedente, anche in Italia le infezioni di origine alimentare ricoprono un ruolo importante. Secondo il rapporto europeo European Union One Health 2024 Zoonoses Report, nel 2024 l'Italia ha registrato 200 focolai epidemici, che rappresentano circa il 3,0% del totale dei focolai notificati nell'Unione Europea, con il

coinvolgimento di persone pari al 4,5% dei casi complessivi registrati nell'UE. Il tasso di incidenza dei casi legati ai focolai è stato di 4,8 casi ogni 100.000 abitanti (Figura 2).

L'Italia si colloca tra i principali Paesi europei per volume di notifiche e approfondimento dei dati di forte evidenza (*European Centre for Disease Prevention and Control and European Food Safety Authority, 2024*).

128 of 191

EU ONE HEALTH ZOO NOSES REPORT 2024

TABLE 51 Number of food-borne outbreaks, human cases, hospitalisations and deaths, in reporting EU MSs and non-MS countries, 2024.

Country	Outbreaks				Cases				Hospitalised		Deaths		
	Total (strong-evidence)	% of total	Outbreaks per 100,000 population		N	% of total	Mean outbreak size (N) and range (min-max)	Cases per 100,000 population		N	% of total	N	% of total
			2024	2020–2023				2024	2020–2023				
Austria	34 (11)	0.52	0.37	0.31	194	0.31	5.7 (2–28)	2.1	1.4	77	2.3	2	3.8
Belgium	776 (7)	11.8	6.6	5.2	4194	6.7	5.4 (2–90)	35.5	23.1	115	3.4	6	11.3
Bulgaria	2 (2)	0.03	0.03	0.03	44	0.07	22.0 (6–38)	0.68	0.56	14	0.42	0	0
Croatia	23 (0)	0.35	0.60	0.56	447	0.72	19.4 (2–101)	11.6	9.2	11	0.33	0	0
Cyprus	1 (0)	0.02	0.10	0.08	3	<0.01	3.0 (–)	0.31	2.5	3	0.09	0	0
Czechia	40 (9)	0.61	0.37	0.33	1218	1.9	30.5 (4–160)	11.2	12.7	39	1.2	1	1.9
Denmark	55 (19)	0.84	0.92	0.96	1126	1.8	20.5 (2–95)	18.9	24.5	44	1.3	0	0
Estonia	6 (1)	0.09	0.44	0.65	22	0.04	3.7 (2–8)	1.6	2.0	7	0.21	0	0
Finland	60 (17)	0.91	1.1	0.83	1101	1.8	18.4 (2–160)	19.6	16.1	99	3.0	6	11.3
France	2066 (81)	31.5	3.0	2.3	20,340	32.6	9.8 (2–335)	29.7	19.7	569	17.1	6	11.3
Germany	271 (36)	4.1	0.32	0.23	2400	3.8	8.9 (2–191)	2.9	1.8	451	13.5	8	15.1
Greece	70 (3)	1.1	0.67	0.24	511	0.82	7.3 (2–144)	4.9	2.3	138	4.1	2	3.8
Hungary	23 (12)	0.35	0.24	0.20	590	0.94	25.7 (3–70)	6.2	7.0	110	3.3	0	0
Ireland	20 (2)	0.30	0.37	0.41	140	0.22	7.0 (2–34)	2.6	1.7	16	0.48	0	0
Italy	200 (40)	3.0	0.34	0.22	2816	4.5	14.1 (2–385)	4.8	1.9	338	10.1	4	7.5
Latvia	55 (0)	0.84	2.9	0.59	740	1.2	13.5 (2–29)	39.5	15.2	0	0	0	0
Lithuania	13 (13)	0.20	0.45	0.27	76	0.12	5.8 (2–25)	2.6	1.3	44	1.3	0	0
Luxembourg	2 (1)	0.03	0.30	0.16	126	0.20	63.0 (26–100)	18.7	2.6	1	0.03	0	0
Malta	69 (1)	1.1	12.2	5.2	169	0.27	2.4 (2–9)	30.0	20.8	26	0.78	0	0
Netherlands	1178 (7)	18.0	6.6	4.9	5378	8.6	4.6 (2–717)	30.0	19.0	15	0.45	0	0
Poland	483 (83)	7.4	1.3	0.81	5554	8.9	11.5 (2–237)	15.2	8.4	660	19.8	2	3.8
Portugal	32 (13)	0.49	0.30	0.11	947	1.5	29.6 (2–91)	8.9	7.2	27	0.81	0	0
Romania	8 (7)	0.12	0.04	0.04	276	0.44	34.5 (7–118)	1.4	0.67	49	1.5	0	0
Slovakia	189 (18)	2.9	3.5	3.9	1130	1.8	6.0 (2–498)	20.8	12.9	119	3.6	1	1.9
Slovenia	5 (2)	0.08	0.24	0.08	105	0.17	21.0 (4–38)	4.9	3.7	7	0.21	0	0
Spain	805 (134)	12.3	1.7	0.83	11,838	18.9	14.7 (2–851)	24.3	10.0	352	10.6	15	28.3
Sweden	71 (14)	1.1	0.67	0.60	994	1.6	14.0 (2–121)	9.4	9.5	4	0.12	0	0
United Kingdom (Northern Ireland)	1 (0)	0.02	0.05	0.09	2	<0.01	2.0 (–)	0.10	0.60	1	0.03	0	0

Figura 2. Numero di epidemie di origine alimentare, casi umani, ricoveri ospedalieri e decessi, negli Stati membri dell'UE e nei paesi non Stati membri segnalanti, 2024.

(<https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/EUOH-%202024-Zoonoses-report.PDF>)

1.3. Microrganismi

Le gastroenteriti sono tra le malattie più comuni nell'uomo e possono avere diversa origine. Tra queste, una delle più frequenti è quella infettiva, causata dalla presenza e dalla proliferazione di alcuni microrganismi, tra cui batteri, virus e parassiti, che possono causare un'inflammatione a livello del tratto gastrointestinale e provocare sintomi caratteristici, tra cui dolore e crampi addominali, nausea, vomito, diarrea, febbre e disidratazione (*Ministero della Salute, 2025*).

L'insorgenza di un'infezione gastrointestinale e la sua gravità possono essere causate da alcune condizioni che alterano il normale equilibrio del microbiota intestinale, come l'utilizzo di antibiotici, o il corretto funzionamento del sistema immunitario (*Mullish and Williams, 2018*).

1.3.1. Batteri

Campylobacter

I batteri del genere *Campylobacter* appartengono alla famiglia delle Campylobacteriaceae e sono microrganismi Gram-negativi caratterizzati da un metabolismo microaerofilo e capnofilo (*Fleckenstein et al., 2021; World Health Organization, 2024*). Tra le diverse specie appartenenti al genere *Campylobacter*, *Campylobacter jejuni* e *Campylobacter coli* sono quelle più frequentemente associate alle infezioni del tratto gastrointestinale nell'uomo, con una netta predominanza di *C. jejuni* rispetto a *C. coli*.

Il *Campylobacter* è un batterio molto diffuso nel tratto intestinale di animali a sangue caldo destinati alla produzione alimentare, come polli, bovini, suini, ovini e caprini, ma può essere presente anche in animali domestici, come cani e gatti, in alcuni animali selvatici e anche nei molluschi (*World Health Organization, 2020*).

Data la sua ampia diffusione a livello animale, la principale via di trasmissione all'uomo è quella alimentare. Tra gli alimenti a maggior rischio troviamo soprattutto il pollame, che può contaminarsi durante la macellazione attraverso il contatto con materiale fecale o con il contenuto intestinale degli animali, ma anche durante la manipolazione dei consumatori. Per questo motivo, il consumo di pollo crudo o poco cotto rappresenta una delle principali cause di campilobatteriosi.

Oltre al pollame, anche l'assunzione di carne di bovino e di maiale rappresenta una possibile fonte di rischio di infezione, anche se basso e sicuramente inferiore a quello associato al consumo di polli. Tuttavia, alcune frattaglie consumate crude o poco cotte possono rappresentare un rischio di trasmissione elevato (*EpiCentro*). I suini sono inoltre identificati come principale serbatoio di *Campylobacter coli*.

Un'altra importante via di trasmissione è rappresentata dal latte crudo o contaminato. Il latte può contaminarsi durante la mungitura oppure in seguito alla presenza di un'infezione a livello della mammella. In questo caso, il rischio può essere ridotto in modo efficace attraverso la pastorizzazione, processo che consente di eliminare il batterio (*Chlebicz and Śliżewska, 2018*).

Anche l'acqua contaminata può rappresentare una fonte di infezione, sia quando viene bevuta sia che quando viene utilizzata per preparare il ghiaccio, lavare gli alimenti o irrigare i campi (*World Health Organization, 2020*). La problematica relativa alla sicurezza idrica interessa infatti anche la frutta e la verdura, che possono rappresentare un'altra fonte di campylobatteriosi. Per questo motivo, è importante utilizzare acqua sicura per l'irrigazione e per il lavaggio degli alimenti.

Infine, la trasmissione può avvenire anche attraverso il contatto diretto con animali infetti, in particolare animali domestici come cani e gatti, oppure attraverso il contatto con ambienti contaminati dalle loro feci (*Chlebicz and Śliżewska, 2018*).

Proprio questa varietà di possibili vie di trasmissione contribuisce alla diffusione dell'infezione. La campylobatteriosi è una delle quattro principali cause di infezioni gastrointestinali a livello mondiale e, in alcuni Paesi europei, il numero di casi è arrivato a superare quello delle salmonellosi non tifoidee (*World Health Organization, 2020; EpiCentro*). A livello mondiale, si stima che provochi circa 500 milioni di infezioni ogni anno e, nell'Unione Europea, è stata per diversi anni la zoonosi più frequentemente segnalata tra quelle monitorate (*Chlebicz and Śliżewska, 2018*). Negli ultimi anni, inoltre, si è osservato un aumento della sua diffusione, motivo per cui viene considerata un problema rilevante per la salute pubblica, oltre che dal punto di vista economico e sociale (*World Health Organization, 2020; EpiCentro*).

La malattia può colpire persone di qualsiasi età. Tuttavia, in base al contesto e alle condizioni di vita, alcune fasce di popolazione sono maggiormente a rischio. Nei paesi industrializzati si osserva una maggiore incidenza negli uomini e nei bambini con età inferiore ai 5 anni,

mentre nei paesi in via di sviluppo, sono colpiti soprattutto i bambini di età inferiore ai 2 anni, talvolta con esito fatale. Il *Campylobacter* è inoltre una delle principali cause della diarrea del viaggiatore, che può comparire quando si viaggia in luoghi dove le condizioni igienico-sanitarie non sono adeguate (*Ministero della Salute*).

Un aspetto importante è che la maggior parte dei casi si presenta come in forma sporadica e non è necessariamente collegata a un unico focolaio. Questo però rende difficile individuare con precisione l'origine di ogni caso e capire quanto incidano le diverse fonti sul numero totale delle infezioni (*World Health Organization, 2020*).

Salmonella

I microrganismi appartenenti al genere *Salmonella* sono batteri Gram-negativi della famiglia delle Enterobacteriaceae e sono generalmente caratterizzati da una forma bastoncellare e da un metabolismo anaerobio facoltativo. Il genere comprende due specie, *Salmonella enterica* e *Salmonella bongori*, all'interno delle quali sono stati identificati più di 2.500 sierotipi (*Chlebicz and Śliżewska, 2018*). La maggior parte dei sierotipi associati alle infezioni nell'uomo appartiene alla specie *S. enterica* e, tra questi, alcuni presentano una particolare rilevanza dal punto di vista della sicurezza alimentare e della salute pubblica (*Oliveira et al., 2026*).

Le infezioni da *Salmonella* possono essere distinte in forme tifoidee, causate da *S. typhi* e *S. paratyphi* e caratterizzate dal fatto che l'uomo rappresenta il principale serbatoio d'infezione, e salmonellosi non tifoidee (NTS), provocate da numerosi sierotipi, tra cui *S. enteritidis* e *S. typhimurium* (*Chlebicz and Śliżewska, 2018; Fleckenstein et al., 2021*). Queste ultime sono prevalentemente associate a gastroenteriti e nel caso di soggetti più vulnerabili, l'infezione può assumere carattere invasivo ed estendersi oltre il tratto intestinale (*Fleckenstein et al., 2021; Takaya et al., 2020*). Le differenze tra queste due forme si riflettono anche nelle loro modalità di trasmissione. La febbre tifoide è correlata alle condizioni igienico-sanitarie e la trasmissione avviene prevalentemente per via oro-fecale mediante consumo di acqua o alimenti contaminati da materiale fecale proveniente da persone infette o portatrici (*Chlebicz and Śliżewska, 2018; EpiCentro, 2025*). Proprio per questa modalità di trasmissione, la malattia è particolarmente diffusa nelle aree caratterizzate da sistemi idrici e di trattamento delle acque reflue inadeguati (*EpiCentro*). Per quanto riguarda, invece, le salmonellosi non tifoidee, la componente zoonotica è particolarmente importante (*Chlebicz and Śliżewska, 2018*). Il principale serbatoio di *Salmonella* è rappresentato dagli animali destinati alla

produzione alimentare, soprattutto pollame, suini e bovini, ma il microrganismo può essere presente anche in animali da compagnia, uccelli, rettili e altre specie selvatiche. Quindi il microrganismo può raggiungere l'uomo sia attraverso il contatto con animali infetti sia attraverso la catena alimentare (*World Health Organization, 2018*).

Prendendo in considerazione la principale via di trasmissione, cioè quella alimentare, le matrici maggiormente associate al rischio di infezione sono: uova e prodotti a base di uova, pollame, carne suina, latte e prodotti lattiero-caseari non adeguatamente trattati. La contaminazione può verificarsi durante l'allevamento oppure nelle successive fasi di manipolazione, attraverso il contatto con il materiale fecale, contenuto intestinale, superfici o attrezzature contaminate (*Chlebicz and Śliżewska, 2018; European Food Safety Authority; World Health Organization, 2018*).

Tuttavia, la diffusione del microrganismo non è limitata al consumo di alimenti di origine animale, ma può avvenire anche attraverso il consumo di frutta e verdura contaminate attraverso acqua, terreno, letame o durante le successive fasi di manipolazione. L'acqua contaminata costituisce un importante elemento nella diffusione di *Salmonella*, sia direttamente sia come possibile fonte di contaminazione degli alimenti (*World Health Organization, 2018*).

La rilevanza di *Salmonella* come patogeno a trasmissione alimentare è ulteriormente rafforzata dalla sua capacità di sopravvivere in condizioni ambientali sfavorevoli, il che favorisce la sua permanenza lungo la filiera alimentare e contribuisce alla possibilità che il microrganismo raggiunga il consumatore finale (*Oliveira et al., 2026*).

Le salmonellosi rappresentano una delle principali cause di malattia diarroica a livello mondiale e costituiscono un rilevante problema di salute pubblica. Le forme più gravi interessano soprattutto alcune popolazioni, tra cui bambini piccoli, anziani e soggetti immunocompromessi. È stato inoltre osservato un rischio particolarmente elevato di infezione invasiva nei neonati e nei bambini malnutriti, mentre condizioni di immunodepressione possono aumentare la probabilità di sviluppare forme extraintestinali (*Fleckenstein et al., 2021; Takaya et al., 2020; World Health Organization, 2018*). Anche alcune condizioni individuali, come la ridotta acidità gastrica, l'assunzione di farmaci antiacidi e immunosoppressivi e i trattamenti antibiotici, possono favorire l'infezione o aumentarne la gravità (*EpiCentro, 2025; Fleckenstein et al., 2021*).

Da un punto di vista epidemiologico, una quota consistente dei casi di salmonellosi si manifesta in forma sporadica, rendendo più difficile individuare con precisione la fonte dell'infezione (*World Health Organization, 2018*).

Nel corso del 2024, nell'Unione Europea sono stati notificati 79.703 casi di salmonellosi, rendendola la seconda zoonosi più segnalata dopo la campilobatteriosi. Nello stesso anno, *Salmonella* è risultata tra i principali agenti responsabili di focolai di origine alimentare e di ospedalizzazioni (*European Centre for Disease Prevention and Control and European Food Safety Authority, 2025*).

Escherichia coli

Escherichia coli è un batterio Gram-negativo appartenente alla famiglia delle Enterobacteriaceae con forma bastoncellare e metabolismo anaerobio facoltativo, e rappresenta uno dei principali microrganismi commensali del tratto gastrointestinale umano (*Nataro and Kaper, 1998*). La maggior parte dei ceppi è innocua, ma alcuni hanno acquisito specifici fattori di virulenza che possono portare poi alla manifestazione di una sintomatologia intestinale o extraintestinale. I ceppi responsabili della malattia enterica sono definiti complessivamente diarreagenic *Escherichia coli* (DEC) e vengono classificati sulla base delle loro caratteristiche genetiche e microbiologiche. I principali patotipi comprendono *E. coli* enteropatogeno (EPEC), enterotossigeno (ETEC), enteroaggregativo (EAEC), enteroinvasivo (EIEC) e produttore di tossina Shiga (STEC), tra cui rientra il sottogruppo degli *E. coli* enteroemorragici (EHEC) (*Robins-Browne and Hartland, 2002; Jesser and Levy, 2020*).

L'*Escherichia coli* enteropatogeno (EPEC) rappresenta uno dei principali patotipi di *E. coli* diarroigeno, con particolare rilevanza nei bambini e nei Paesi a basso e medio reddito.

Gli EPEC vengono distinti in ceppi tipici e atipici sulla base della presenza di specifici determinanti genetici associati alla patogenicità. Gli esseri umani rappresentano il principale serbatoio conosciuto degli EPEC tipici, mentre gli EPEC atipici presentano una distribuzione più ampia e sono stati identificati in differenti ospiti animali (*Croxen et al., 2013*).

La trasmissione avviene principalmente per via oro-fecale, attraverso acqua, alimenti e superfici contaminate, mediante contatto interumano e anche i soggetti asintomatici possono contribuire alla circolazione del microrganismo.

L'*Escherichia coli* enteroaggregativo (EAEC) è un patotipo eterogeneo, associato a malattia diarroica sia nei Paesi a basso e medio reddito sia nei Paesi industrializzati (Jesser and Levy, 2020; Croxen et al., 2013). È stato identificato in soggetti appartenenti a diverse fasce d'età e in episodi sporadici e focolai di origine alimentare. La trasmissione è prevalentemente oro-fecale e avviene principalmente attraverso acqua e alimenti contaminati (Croxen et al., 2013).

L'*Escherichia coli* enterotossigeno (ETEC) è particolarmente diffuso nei Paesi a basso e medio reddito. Rappresenta una delle principali cause di diarrea del viaggiatore nei soggetti provenienti da Paesi industrializzati che si recano in aree endemiche (Jesser and Levy, 2020; Croxen et al., 2013). La caratteristica distintiva dell'ETEC è la produzione delle enterotossine termolabile (LT) e/o termostabile (ST) (Jesser and Levy, 2020).

Gli *Escherichia coli* produttori di tossina Shiga (STEC) costituiscono un importante gruppo di patogeni di origine alimentare diffusi a livello mondiale (World Health Organization, 2018; World Health Organization and Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2018). Sono definiti dalla capacità di produrre le tossine Shiga (Stx) e comprendono numerosi sierogruppi associati a infezioni nell'uomo (Jesser and Levy, 2020).

La rilevanza degli STEC è confermata dai dati dell'European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Nel corso del 2023, 30 Paesi dell'Unione Europea e dello Spazio Economico Europeo hanno segnalato 10.901 casi confermati, con un tasso di notifica pari a 3,2 casi per 100.000 abitanti, il più alto registrato dall'inizio della sorveglianza europea (European Centre for Disease Prevention and Control, 2025).

Un importante sottogruppo degli STEC è rappresentato da *Escherichia coli* enteroemorragico (EHEC), il quale è associato alle forme più gravi di malattia e viene trasmesso per via alimentare attraverso il consumo di carne bovina, prodotti lattiero-caseari e prodotti ortofrutticoli (Jesser and Levy, 2020; World Health Organization and Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2018).

Tra i diversi sierogruppi di EHEC, *E. coli* O157 riveste particolare importanza. In particolare, *E. coli* O157:H7 è storicamente il sierogruppo maggiormente studiato e più frequentemente associato alle infezioni nell'uomo. Tuttavia, anche numerosi sierogruppi non-O157 sono responsabili di infezioni umane; tra questi, O26, O45, O103, O111, O121 e O145 sono di particolare interesse per la salute pubblica (Croxen et al., 2013).

L'*Escherichia coli* enteroinvasivo (EIEC) è responsabile delle infezioni intestinali, con particolare rilievo nei Paesi a basso e medio reddito. La trasmissione avviene prevalentemente per via oro-fecale, attraverso acqua e alimenti contaminati o mediante contatto interpersonale. Data la somiglianza con le infezioni causate da *Shigella* spp., la sua identificazione può essere complessa e sottostimata (Gomes et al., 2016).

Clostridioides difficile

Clostridioides difficile è un microrganismo Gram-positivo, anaerobio obbligato, capace di formare spore e di produrre due principali tossine, la tossina A e la tossina B, che costituiscono i principali fattori di virulenza (Czepiel et al., 2019; Costa et al., 2024).

C. difficile può colonizzare il tratto intestinale dell'uomo e di diverse specie animali e, allo stesso tempo, essere presente in maniera ubiquitaria nell'ambiente sotto forma di spore (Smits et al., 2016; Czepiel et al., 2019). L'esposizione agli antibiotici rappresenta uno dei principali fattori di rischio per lo sviluppo dell'infezione da *C. difficile*, in quanto l'alterazione della normale composizione del microbiota intestinale può compromettere la resistenza alla colonizzazione e favorire la proliferazione del microrganismo. La colonizzazione intestinale non determina necessariamente un'infezione, poiché il microrganismo può essere presente nell'ospite senza causare manifestazioni cliniche. Questa condizione viene definita colonizzazione asintomatica ed è particolarmente comune nei neonati (Czepiel et al., 2019).

Come precedentemente riportato, una delle principali caratteristiche biologiche di *C. difficile* è la formazione di spore, che rappresentano una forma metabolicamente inattiva del batterio, dotata di una notevole resistenza alle condizioni ambientali (Centers for Disease Control and Prevention, 2026; Smits et al., 2016). Questa caratteristica consente al microrganismo di persistere a lungo al di fuori dell'ospite, rimanendo vitali per mesi o anni su superfici e nel terreno (Centers for Disease Control and Prevention, 2026). Proprio in relazione a questa capacità, la trasmissione del *C. difficile* avviene prevalentemente attraverso la via oro-fecale, successivamente all'ingestione delle spore presenti nell'ambiente o provenienti da materiale contaminato (Czepiel et al., 2019; Smits et al., 2016). Le persone colonizzate o infette eliminano le spore attraverso le feci, contribuendo alla contaminazione dell'ambiente circostante. La diffusione può quindi verificarsi anche attraverso una trasmissione indiretta e in ambito sanitario, le mani degli operatori possono rappresentare un veicolo di

trasferimento quando vengono a contatto con superfici contaminate e successivamente con i pazienti o con altri oggetti (*Centers for Disease Control and Prevention, 2026*).

La presenza di *C. difficile* nell'uomo, in diverse specie animali e nell'ambiente contribuisce a rendere particolarmente complessa l'epidemiologia di questo microrganismo. Storicamente, l'infezione è stata associata soprattutto all'ambito sanitario, rappresentando una delle principali infezioni correlate all'assistenza, in particolare in contesto ospedaliero (*Czpieł et al., 2019; Smits et al., 2016*). Tuttavia, la diffusione del batterio non è circoscritta alle strutture sanitarie, poiché sono state osservate anche infezioni acquisite in comunità, evidenziando una distribuzione epidemiologica più ampia.

L'importanza del *C. difficile* come problema epidemiologico è evidenziata anche dai dati europei. Un'indagine di prevalenza condotta dall'European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) nel 2011-2012 ha stimato che, nell'Unione Europea, si verificassero ogni anno circa 124.000 infezioni da *C. difficile* associate all'assistenza sanitaria (*Smits et al., 2016*).

Vibrio spp.

Il genere *Vibrio* comprende batteri Gram-negativi a forma di bastoncino che sono naturalmente presenti negli ambienti acquatici, in particolare marini, estuari e di acqua dolce, con una maggiore proliferazione in acque calde e moderatamente saline (*Koutsoumanis et al., 2024*).

Tra le specie di maggiore rilevanza per la salute pubblica nell'Unione Europea rientrano *V. cholerae*, agente eziologico del colera, *Vibrio parahaemolyticus*, frequentemente associato a episodi di gastroenterite conseguenti al consumo di prodotti ittici contaminati, e *V. vulnificus*. Quest'ultimo riveste particolare importanza per la sua capacità di causare infezioni invasive, che possono evolvere in forme gravi quali la sepsi, soprattutto nei soggetti maggiormente predisposti, sebbene possa essere associato anche a manifestazioni gastrointestinali (*Koutsoumanis et al., 2024; Brumfield et al., 2025*).

Una delle principali vie di trasmissione è il consumo di molluschi e altri prodotti ittici crudi o poco cotti, in particolare le ostriche, nelle quali i microrganismi possono concentrarsi durante la permanenza nell'acqua (*Centers for Disease Control and Prevention, 2025*). La trasmissione alimentare può inoltre essere favorita dalla conservazione e dal trasporto a

temperature inadeguate e dalla contaminazione crociata durante la manipolazione degli alimenti (*Koutsoumanis et al., 2024*).

Un'altra importante via di esposizione è il contatto di ferite aperte con acque costiere contaminate oppure con prodotti ittici crudi e i loro liquidi, consentendo ai batteri di entrare direttamente nei tessuti (*Centers for Disease Control and Prevention, 2025*).

Dal punto di vista epidemiologico, la presenza e la concentrazione dei *Vibrio* negli ambienti acquatici sono fortemente influenzate da temperatura e salinità, e il riscaldamento delle acque associato ai cambiamenti climatici può favorirne la proliferazione e l'espansione geografica (*Brumfield et al., 2025*).

Yersinia enterocolitica

Yersinia enterocolitica è un batterio Gram-negativo appartenente alla famiglia delle Yersiniaceae ed è il principale agente eziologico della yersiniosi, mentre *Yersinia pseudotuberculosis* è responsabile di un numero molto più limitato di infezioni nell'uomo. *Y. enterocolitica* possiede caratteristiche che le consentono di sopravvivere e moltiplicarsi anche a basse temperature, favorendo la persistenza negli alimenti durante la conservazione (*Riahi et al., 2021*).

La trasmissione di *Y. enterocolitica* all'uomo avviene principalmente attraverso il consumo di alimenti contaminati, in particolare carne e prodotti di origine suina crudi o insufficientemente cotti (*European Centre for Disease Prevention and Control, 2024*). Infatti, i suini rappresentano uno dei principali serbatoi del microrganismo, sebbene *Y. enterocolitica* possa essere riscontrata anche in altre specie animali domestiche e selvatiche. Il contagio può avvenire anche attraverso il consumo di acqua contaminata (*Riahi et al., 2021*).

La diffusione della yersiniosi può essere sottostimata perché non viene ricercata sistematicamente in tutti i casi di gastroenterite. A livello europeo, nel 2022 la yersiniosi è risultata la quarta infezione gastrointestinale batterica più frequentemente notificata dopo campilobatteriosi, salmonellosi e infezioni da *Escherichia coli* produttore di tossina Shiga (STEC) con un incremento del 22,2% rispetto al 2021 (*European Centre for Disease Prevention and Control, 2024*).

Plesiomonas shigelloides

Plesiomonas shigelloides è un bacillo Gram-negativo appartenente alla famiglia delle Enterobacteriaceae ed è l'unica specie riconosciuta del genere *Plesiomonas*. È un microrganismo anaerobio facoltativo, non sporigeno, mobile e principalmente associato agli ambienti acquatici, sia di acqua dolce sia marina, soprattutto nelle aree tropicali e subtropicali. Il microrganismo è stato inoltre isolato dall'intestino di diverse specie animali e può contaminare alimenti provenienti dall'ambiente acquatico (Cortés-Sánchez et al., 2021; Janda et al., 2016). L'acqua contaminata può rappresentare una fonte diretta di esposizione, ma anche un veicolo indiretto attraverso il lavaggio o la manipolazione degli alimenti (Cortés-Sánchez et al., 2021).

Dal punto di vista epidemiologico, la distribuzione delle infezioni da *P. shigelloides* non è uniforme a livello mondiale. Infatti, si osserva una maggiore frequenza nelle regioni del Sud-est asiatico e dell'Africa, e una prevalenza inferiore in Nord America e in Europa (Janda et al., 2016). Nonostante ciò, la reale incidenza delle infezioni da *P. shigelloides* potrebbe essere sottostimata data la minore identificazione rispetto ad altri enteropatogeni (Janda et al., 2016; Cortés-Sánchez et al., 2021).

1.3.2. Virus

Norovirus

Tra gli agenti virali responsabili delle gastroenteriti acute, i norovirus rivestono un ruolo di particolare rilevanza per la loro elevata capacità di diffusione. Appartengono alla famiglia Caliciviridae e sono virus a RNA a singolo filamento, caratterizzati da un capsido di forma icosaedrica e dall'assenza di involucro (Orenstein, 2019). La loro diffusione è favorita dalla bassa dose infettante, dalla capacità di persistere nell'ambiente e dal fatto che il virus può essere eliminato con le feci per un periodo di circa due o tre settimane dopo la risoluzione della malattia. Queste caratteristiche contribuiscono alla trasmissione del virus (World Health Organization, 2025).

La trasmissione avviene principalmente per via oro-fecale e può verificarsi in diversi modi. Una delle principali modalità di diffusione è la trasmissione interpersonale, che risulta particolarmente importante negli ambienti in cui è presente un elevato numero di persone, come strutture sanitarie, scuole, comunità militari e navi da crociera (Jagirdhar et al., 2023).

Strettamente legato a questa, un'ulteriore modalità di trasmissione è associata al vomito, durante il quale le particelle virali possono essere aerosolizzate e successivamente ingerite oppure depositarsi sulle superfici dell'ambiente circostante (*World Health Organization, 2025*).

Anche gli alimenti, come molluschi bivalvi, verdure fresche, frutti di bosco, alimenti consumati senza cottura, e l'acqua contaminata, come nel caso di malfunzionamenti dei sistemi di potabilizzazione, possono rappresentare un importante veicolo di trasmissione (*EpiCentro, 2018*).

Dal punto di vista epidemiologico, il norovirus rappresenta una delle principali cause di gastroenterite acuta a livello mondiale, con una distribuzione che interessa popolazioni appartenenti a differenti contesti socioeconomici. Si stima che sia responsabile di circa 685 milioni di infezioni ogni anno, di cui circa 200 milioni nei bambini di età inferiore ai 5 anni, determinando un rilevante carico di malattia sia nei Paesi ad alto reddito sia in quelli a basso e medio reddito (*World Health Organization, 2022; 2025*).

La sorveglianza epidemiologica europea ha inoltre evidenziato un aumento dei casi di infezione da norovirus in diversi Paesi a partire dalla fine degli anni Novanta, con un incremento particolarmente significativo osservato nel 2006.

In Italia, il norovirus è considerato uno dei principali agenti responsabili delle infezioni gastrointestinali di origine non batterica e sono stati descritti focolai soprattutto in contesti comunitari, strutture ospedaliere e case di riposo (*EpiCentro, 2018*).

Rotavirus

Il rotavirus appartiene alla famiglia Reoviridae ed è un virus a RNA a doppio filamento, privo di envelope. La sua elevata stabilità nell'ambiente ne favorisce la persistenza e la diffusione. Infatti, la sua distribuzione è pressoché ubiquitaria a livello mondiale (*Orenstein, 2019; World Health Organization, 2018*). Sebbene l'infezione possa interessare individui di qualsiasi età, il primo contatto con il virus avviene prevalentemente tra i 6 e i 36 mesi di età, determinando un'incidenza particolarmente elevata nei bambini di età inferiore ai cinque anni (*European Centre for Disease Prevention and Control, 2023; Stuempfig et al., 2025; Hasan et al., 2021; Jagirdhar et al., 2023*).

Dal punto di vista della trasmissione, il rotavirus è altamente contagioso e viene eliminato con le feci in concentrazioni molto elevate (*World Health Organization, 2018; Orenstein, 2019*). La principale modalità di diffusione è rappresentata dalla via oro-fecale, attraverso la quale il virus può passare direttamente da una persona infetta a un'altra, soprattutto negli ambienti caratterizzati da una stretta interazione tra bambini, oppure essere trasmesso indirettamente attraverso le mani, gli alimenti, l'acqua e le superfici contaminate (*World Health Organization, 2018; EpiCentro*).

L'infezione da rotavirus presenta una rilevanza epidemiologica particolarmente elevata a livello globale, soprattutto nella popolazione pediatrica, rappresentando ancora oggi una delle principali cause di malattia diarroica nei bambini. Tale impatto risulta particolarmente significativo nei Paesi a basso reddito, in cui i bambini sono più vulnerabili e vi è una minore possibilità di accesso all'assistenza sanitaria (*World Health Organization, 2018; Jagirdhar et al., 2023*). Secondo le stime riportate dall'Organizzazione Mondiale della Sanità, nel 2013 il rotavirus è stato associato a oltre 200.000 decessi infantili a livello mondiale, evidenziando il considerevole peso dell'infezione sulla mortalità pediatrica globale (*World Health Organization, 2018*).

L'impatto epidemiologico del rotavirus non è limitato solamente ai Paesi in via di sviluppo, ma interessa anche i Paesi europei, dove la mortalità associata all'infezione è molto bassa, la gastroenterite da rotavirus rappresenta una causa rilevante di ricorso ai servizi sanitari pediatrici. Si stima che ogni anno decine di migliaia di bambini di età inferiore ai cinque anni vengano ricoverati a causa dell'infezione, mentre un numero ancora maggiore accede ai servizi di emergenza o viene sottoposto a valutazione pediatrica. In Italia, i dati disponibili evidenziano una significativa presenza del Rotavirus tra le gastroenteriti acute che determinano ospedalizzazione e accesso ai servizi sanitari (*EpiCentro*).

Adenovirus

Gli adenovirus umani appartengono alla famiglia Adenoviridae e sono virus a DNA a doppio filamento privi di envelope. Sebbene siano noti principalmente per essere responsabili di infezioni respiratorie e oculari, alcuni tipi di adenovirus sono associati anche a infezioni gastrointestinali (*Orenstein, 2019; Jagirdhar et al., 2023*). La gastroenterite da adenovirus interessa prevalentemente i bambini nei primi anni di vita, con un'incidenza stimata tra l'1,5% e il 5% delle gastroenteriti virali nei bambini di età inferiore ai due anni (*Orenstein, 2019*). Inoltre, la rianalisi dei dati del “*Global Enterics Multicenter Study*” ha evidenziato

come l'adenovirus rappresenti la seconda causa più comune di malattia diarroica nei neonati, dopo il rotavirus, confermandone il rilevante ruolo nell'eziologia delle infezioni gastrointestinali nei primi anni di vita.

La trasmissione può avvenire attraverso diverse modalità, principalmente per via oro-fecale, ma anche mediante aerosol e il contatto diretto o indiretto con oggetti e superfici contaminate. La circolazione degli adenovirus assume particolare rilevanza negli ambienti comunitari, caratterizzati da un'elevata densità di persone e da frequenti contatti interpersonali, come asili nido, campi estivi, campus universitari e strutture militari (*Jagirdhar et al., 2023*).

Sapovirus

I sapovirus appartengono alla famiglia Caliciviridae, la stessa famiglia a cui appartengono i norovirus, e sono virus a RNA a singolo filamento privi di involucro. Questi virus rappresentano un importante agente eziologico della gastroenterite, con una particolare rilevanza nella popolazione pediatrica e, in particolare, nei bambini di età inferiore ai cinque anni.

La trasmissione dei sapovirus avviene principalmente per via oro-fecale e può verificarsi attraverso il consumo di alimenti o acqua contaminati, nonché mediante il contatto con fomite. Le caratteristiche delle modalità di trasmissione favoriscono la diffusione del virus in ambienti comunitari, nei quali sono state descritte epidemie in contesti quali asili nido, ospedali, case di cura e scuole (*Jagirdhar et al., 2023*).

Astrovirus

Gli astrovirus appartengono alla famiglia Astroviridae e sono piccoli virus a RNA a singolo filamento privi di involucro, responsabili di circa il 2–10% delle gastroenteriti virali nella popolazione pediatrica (*Orenstein, 2019*). Altri dati epidemiologici indicano un'incidenza media globale dell'astrovirus pari a circa l'11% dei casi di gastroenterite acuta, con una prevalenza più elevata nei bambini di età compresa tra 37 e 48 mesi (*Hasan et al., 2021*).

La trasmissione degli astrovirus avviene prevalentemente attraverso la via oro-fecale. La diffusione può essere favorita dagli ambienti comunitari, nei quali il contatto ravvicinato tra individui e la condivisione di spazi e superfici possono facilitare la circolazione dell'agente virale (*Jagirdhar et al., 2023*).

1.3.3. Parassiti

Giardia lamblia

Giardia lamblia è un protozoo parassita unicellulare flagellato che causa la giardiasi. Questo microrganismo è diffuso in tutto il mondo e si stima che ogni anno provochi circa 280 milioni di casi di infezione, con una maggiore diffusione nei Paesi in via di sviluppo, dove la prevalenza può raggiungere il 20-30%, mentre nei Paesi industrializzati viene stimata tra il 2 e il 5% (Adam, 2001; Groudan et al., 2021; Rumsey and Waseem, 2026). A ciò si aggiunge la capacità del parassita di infettare diverse specie animali, oltre all'uomo, tra cui cani, gatti, bovini e ovini (Rumsey and Waseem, 2026).

Cryptosporidium

Cryptosporidium è un protozoo parassita appartenente al phylum degli Apicomplexa, caratterizzato da un ciclo vitale intracellulare e da una distribuzione pressoché globale. La sua importanza è rilevante sia in ambito medico che veterinario, in quanto è in grado di infettare numerose specie di vertebrati (Ryan and Hijjawi, 2015). L'infezione causata da questo parassita rappresenta una delle principali cause di diarrea e mortalità nei bambini di età inferiore ai 5 anni, soprattutto nei contesti a basso reddito, con conseguenti problemi relativi alla crescita e sullo sviluppo dei bambini. Sebbene la criptosporidiosi sia rilevante soprattutto nei Paesi a basso reddito, anche nei Paesi ad alto reddito costituisce un problema di sanità pubblica. In questi contesti sono stati infatti riportati tassi di incidenza pari a 4,4 casi ogni 100.000 abitanti nella popolazione generale, mentre nei bambini l'incidenza risulta significativamente più elevata, raggiungendo 15,8 casi ogni 100.000 individui (World Health Organization, 2025).

Entamoeba histolytica

Entamoeba histolytica è un protozoo parassita intestinale, anaerobico, extracellulare e non flagellato, appartenente al genere *Entamoeba* (Costa and Gomes, 2025; World Health Organization, 2025). Tra le diverse specie appartenenti al genere *Entamoeba*, *E. histolytica* rappresenta la principale responsabile delle forme sintomatiche nell'uomo, che rappresenta l'unico serbatoio conosciuto.

L'amebiasi è un'infezione rilevante a livello mondiale, ma presenta una maggiore diffusione nelle regioni tropicali e subtropicali, in cui la prevalenza può variare in relazione a fattori

comportamentali, ecologici e fisiologici (*World Health Organization, 2025*). Nonostante l'infezione sia maggiormente associata alle aree in via di sviluppo, può interessare anche i Paesi industrializzati, soprattutto in gruppi di persone come immigrati e viaggiatori provenienti da regioni ad alta endemia (*Pineda and Perdomo, 2017*).

Cyclospora cayetanensis

Cyclospora cayetanensis è un protozoo coccidio intestinale intracellulare obbligato, appartenente al gruppo degli Apicomplexa, ed è l'unica specie del genere nota per infettare l'uomo, che rappresenta il suo unico ospite conosciuto (*World Health Organization, 2025*).

Questo protozoo rappresenta un'importante causa di diarrea endemica o epidemica a livello mondiale, con una maggiore diffusione nei Paesi a basso reddito e nelle regioni tropicali e subtropicali (*Chacín-Bonilla, 2010; World Health Organization, 2025*). Nelle aree endemiche, la prevalenza è molto variabile e può differire in relazione all'età (*World Health Organization, 2025*). Nei Paesi sviluppati, i casi sono principalmente associati a viaggi internazionali verso aree endemiche o al consumo di prodotti alimentari provenienti da tali regioni (*Chacín-Bonilla, 2010; World Health Organization, 2025*).

Vie di trasmissione

La principale modalità di trasmissione dei protozoi intestinali considerati è rappresentata dalla via oro-fecale, principalmente attraverso l'ingestione di acqua o alimenti contaminati. (*Adam, 2001; Ryan and Hijawi, 2015; World Health Organization, 2025*) L'acqua rappresenta un'importante fonte di trasmissione per *Giardia lamblia*, anche nei casi di infezione associati ai viaggi (*Adam, 2001*). Un'altra modalità di trasmissione che accomuna quasi tutti i protozoi è mediante il contatto diretto tra persone, come osservato per *Giardia lamblia*, *Entamoeba histolytica* e *Cryptosporidium* (*Rumsey and Waseem, 2026; Ryan and Hijawi, 2015; World Health Organization, 2025*).

Nel caso di *Cryptosporidium*, la trasmissione può avvenire anche dagli animali all'uomo, in particolare attraverso il contatto con bestiame infetto, che può contribuire alla contaminazione ambientale mediante l'eliminazione delle oocisti (*Alali et al., 2021*).

Un elemento distintivo è rappresentato dalla trasmissione di *Cyclospora cayetanensis*, per la quale il cibo sembra costituire la principale fonte di infezione nei Paesi a basso reddito, con frutta e verdura crude frequentemente identificate come veicolo del parassita. Sono state

inoltre documentate esposizioni associate al contatto con suolo e acqua contaminati. La trasmissione diretta da persona a persona è invece considerata praticamente impossibile perché le oocisti eliminate con le feci necessitano di un periodo di maturazione nell'ambiente prima di diventare infettive (*World Health Organization, 2025*).

1.4. Fattori di rischio

Le infezioni gastrointestinali possono avere un'incidenza ed un'evoluzione differenti in relazione alla presenza di uno o più fattori di rischio, che si possono identificare principalmente in tre categorie: fattori ambientali, caratteristiche dell'ospite e fattori comportamentali.

I fattori ambientali ricoprono un ruolo di notevole rilevanza, soprattutto in alcune aree del mondo, poiché comprendono la qualità dell'acqua, la gestione delle acque reflue, le condizioni igienico-sanitarie, lo smaltimento dei rifiuti organici e la qualità e sicurezza degli alimenti (*World Health Organization, 2011; 2023*). A questi poi si aggiungono specifici contesti di esposizione, come le strutture sanitarie e assistenziali, nei quali possono essere presenti ulteriori condizioni favorevoli alla trasmissione di alcuni microrganismi (*Czepiel et al., 2019*).

Tra tutti questi fattori, la disponibilità di acqua potabile sicura e, di conseguenza, una corretta gestione delle acque reflue rappresentano dei fattori di particolare rilievo, poiché l'acqua contaminata, soprattutto da materiale fecale, costituisce una possibile fonte di trasmissione di infezioni gastrointestinali. Allo stesso modo, anche l'assenza o l'inadeguatezza dei servizi igienico-sanitari, sia associati ad ambienti di vita che di assistenza, possono rappresentare un grande pericolo, soprattutto nei paesi a basso e medio reddito (*Shane et al., 2017; World Health Organization, 2023*). Nelle strutture sanitarie e di assistenza a lungo termine, la possibile contaminazione di superfici, servizi igienici, arredi e dispositivi, può costituire un serbatoio ambientale e favorire il trasferimento degli agenti attraverso il contatto con le mani del personale sanitario (*Czepiel et al., 2019; Centers for Disease Control and Prevention, 2026*). Anche gli impianti acquatici ricreativi e gli asili nido sono contesti che possono favorire la trasmissione delle infezioni.

Sempre in relazione alle condizioni igienico-sanitarie, anche quelle relative ai sistemi di produzione, distribuzione e consumo degli alimenti sono estremamente importanti (*Shane et al., 2017*).

Per quanto riguarda le caratteristiche dell'ospite, l'età rappresenta un importante fattore di rischio. I bambini piccoli presentano una maggiore vulnerabilità alle infezioni gastrointestinali in relazione alla maturazione ancora incompleta del sistema immunitario, mentre nelle persone anziane, l'efficienza del sistema immunitario e la capacità degli organi di riconoscere ed eliminare gli agenti potenzialmente patogeni risultano ridotte (*Posovszky*

et al., 2020; Centers for Disease Control and Prevention, 2025). La vulnerabilità può aumentare in presenza di condizioni di immunodepressione, come nel caso di soggetti con neoplasie sottoposti a chemioterapia o radioterapia, a trattamento immunosoppressivo o a trapianto, o con infezioni da HIV. Anche la presenza di patologie concomitanti e di uno stato nutrizionale compromesso può aumentare la suscettibilità alle infezioni gastrointestinali, che in questi soggetti possono risultare più frequenti, prolungate o caratterizzate da una maggiore gravità (*Alby and Nachamkin, 2016; Centers for Disease Control and Prevention, 2025*).

Un ulteriore fattore di rischio legato alle caratteristiche dell'ospite è rappresentato dalla gravidanza, che è una condizione nella quale alcune infezioni di origine alimentare possono presentare un rischio maggiore e nella quale, in presenza di diarrea, la perdita di liquidi può determinare una maggiore vulnerabilità alla disidratazione (*Centers for Disease Control and Prevention, 2025; Galang and Roy, 2025*).

Anche l'uso recente di antibiotici rappresenta un ulteriore fattore di rischio, poiché può alterare la composizione del microbiota intestinale e favorire la proliferazione o la selezione di alcuni microrganismi patogeni, aumentando il rischio di specifiche infezioni gastrointestinali (*Czepiel et al., 2019; Centers for Disease Control and Prevention, 2026*).

Oltre ai fattori ambientali e alle caratteristiche dell'ospite, assumono un ruolo rilevante anche i fattori comportamentali, in cui rientrano le abitudini alimentari e le modalità di manipolazione degli alimenti. Il consumo di alimenti di origine animale non adeguatamente trattati, crudi o poco cotti e di prodotti lattiero-caseari non pastorizzati, è stato associato a un maggiore rischio di infezione gastrointestinale (*Guo Y.-T., et al., 2023; Ministero della Salute, 2026*).

Anche il contatto con animali rappresenta un possibile fattore comportamentale, soprattutto quando si verifica un'esposizione diretta ad animali da allevamento o ad altri animali. Nei bambini piccoli, inoltre, il contatto con animali domestici e il consumo di prodotti di origine animale sono stati associati a un aumento del rischio di infezione (*Guo et al., 2023*).

Infine, i viaggi internazionali rappresentano un altro importante fattore di rischio, soprattutto quando la destinazione presenta condizioni igienico-sanitarie differenti da quelle abituali o un accesso meno sicuro all'acqua e agli alimenti (*Shane et al., 2017; Guo et al., 2023; Ministero della Salute, 2026*).

1.5. Sintomatologia

La sintomatologia relativa alle infezioni gastrointestinali può variare in relazione al microrganismo coinvolto ai suoi meccanismi patogenetici e alle caratteristiche dell'ospite. Infatti, le manifestazioni possono essere lievi o gravi e comparire dopo poche ore dal contatto col microrganismo oppure a distanza di alcuni giorni (*Centers for Disease Control and Prevention, 2025*).

Le manifestazioni cliniche comprendono diversi sintomi, ma quello più caratteristico delle infezioni gastrointestinali è la diarrea, che è definita come l'emissione di feci molli o liquide in numero pari o superiore a tre, oppure come un'emissione più frequente rispetto al numero normale di evacuazioni dell'individuo. Tuttavia, la sola frequenza delle evacuazioni non è sufficiente per identificare una condizione diarroica: infatti, la presenza di feci formate, anche se emesse frequentemente, non è indicativa di diarrea. Allo stesso modo, nei neonati allattati al seno, la normale consistenza molle o pastosa delle feci non deve essere considerata una manifestazione diarroica.

Dal punto di vista clinico, la diarrea può essere classificata in tre forme principali: diarrea acquosa acuta, caratterizzata da un'insorgenza improvvisa e da una durata generalmente limitata a poche ore o alcuni giorni, che comprende anche le manifestazioni cliniche del colera; diarrea acuta con sangue, definita dissenteria; diarrea persistente, definita da una sintomatologia che si protrae per un tempo pari o superiore a 14 giorni (*World Health Organization, 2025*).

Oltre alla diarrea, le infezioni gastrointestinali possono manifestarsi con dolore e crampi addominali, nausea, vomito e febbre, la cui presenza e intensità possono variare in relazione all'agente eziologico e alle caratteristiche dell'ospite (*Graves, 2013; Posovszky et al., 2020*). Episodi intensi e prolungati di vomito e diarrea possono causare una rilevante perdita di liquidi e nutrienti, rappresentando così un importante fattore di rischio per la disidratazione (*World Health Organization, 2011; 2024*).

La disidratazione rappresenta la principale complicanza delle malattie diarroiche (*World Health Organization, 2024*). La perdita molto rapida di liquidi può determinare alterazioni dell'omeostasi elettrolitica, con possibili complicanze neurologiche come le convulsioni, alterazioni della funzione circolatoria e della perfusione di organi e tessuti e, nei casi più gravi, può evolvere fino allo shock e avere un esito letale (*Posovszky et al., 2020; European Centre for Disease Prevention and Control, 2023; World Health Organization, 2025*). Il

rischio di disidratazione ha notevole rilievo soprattutto nei bambini, negli anziani e nei soggetti immunocompromessi (*Fletcher et al., 2013*).

Non sempre le infezioni gastrointestinali sono associate a una sintomatologia evidente. In alcuni casi, l'infezione può progredire in forma asintomatica, determinando così la presenza di portatori asintomatici, contribuendo alla diffusione dell'infezione. La probabilità di sviluppare sintomi può variare in relazione a diversi fattori, tra cui le caratteristiche dell'ospite, il tipo e la dose di patogeno con cui si viene in contatto (*Czepiel et al., 2019*).

Sebbene le manifestazioni cliniche delle infezioni gastrointestinali batteriche e virali possano essere sovrapponibili e da sole non consentono di stabilire con certezza la causa, alcune caratteristiche possono fornire indicazioni orientative. La presenza di febbre elevata, dissenteria e un decorso prolungato è associata maggiormente alle infezioni batteriche, mentre vomito più marcato e prolungato e una durata generalmente più breve sono più frequentemente osservati nelle gastroenteriti virali (*Posovszky et al., 2020; Tay et al., 2025*). Le infezioni protozoarie possono essere caratterizzate da un esordio più graduale e da una sintomatologia generalmente meno intensa, ma di maggiore durata (*Centers for Disease Control and Prevention, 2026*).

Nelle infezioni gastrointestinali causate da batteri, il periodo che intercorre tra l'esposizione e la comparsa dei sintomi può variare da poche ore a diversi giorni, così come la durata della sintomatologia (*Graves, 2013; Centers for Disease Control and Prevention, 2025*). Questa variabilità è evidente considerando alcuni dei principali batteri coinvolti in queste infezioni. La salmonellosi può manifestarsi da 6 ore a 6 giorni dopo l'infezione e presenta generalmente una durata di 4–7 giorni, mentre nella campilobatteriosi i sintomi compaiono generalmente 2–5 giorni dopo l'esposizione e nella maggior parte dei casi si risolvono entro una settimana (*Centers for Disease Control and Prevention, 2024; 2026*). Nelle infezioni da *Escherichia coli* produttore di tossina Shiga (STEC), il periodo di incubazione è generalmente compreso tra 3 e 8 giorni e la maggior parte dei pazienti guarisce entro circa 10 giorni (*World Health Organization, 2018*).

Dal punto di vista patogenetico, le manifestazioni delle infezioni batteriche possono essere ricondotte a due principali meccanismi, cioè la produzione di tossine nell'intestino e l'invasione della mucosa intestinale.

I batteri enterotossigeni, tra cui *Escherichia coli* enterotossigeno (ETEC) e *Vibrio cholerae* tossigeno, sono prevalentemente associati a diarrea acquosa, tuttavia, non è l'unico quadro

clinico che si può presentare (Graves, 2013; Tay et al., 2025). L'infezione da ETEC presenta una sintomatologia variabile, da forme lievi fino a episodi di diarrea più severa (Graves, 2013). Nel caso di *Vibrio cholerae* tossigeno, l'infezione può essere asintomatica o clinicamente manifesta, con forme lievi o moderate fino a quadri gravi. In quest'ultimo caso, la sintomatologia comprende abbondanti feci molli con muco, crampi addominali, nausea e vomito, con possibili complicazioni come disidratazione e convulsioni (Graves, 2013; World Health Organization, 2025).

Altri microrganismi che esercitano la propria azione patogena attraverso la produzione di tossine sono *Escherichia coli* produttori di tossina Shiga (STEC) e *Clostridioides difficile*. Il quadro clinico delle infezioni da *Escherichia coli* produttore di tossina Shiga (STEC) è caratterizzato da crampi addominali, vomito e diarrea acquosa che può evolvere in emorragica (Graves, 2013; World Health Organization, 2018). La febbre è generalmente assente o di lieve entità, caratteristica che può contribuire a distinguere l'infezione da altre forme batteriche di gastroenterite emorragica (World Health Organization, 2018).

Nel caso del quadro clinico relativo all'infezione da *Clostridioides difficile*, può variare da uno stato di portatore asintomatico, a dalle forme di diarrea lieve o moderata accompagnata da nausea, vomito, dolore addominale e febbre, fino ad arrivare a disidratazione significativa, distensione addominale e alla colite fulminante con esito potenzialmente letale (Czepiel et al., 2019).

Passando ai batteri che agiscono prevalentemente mediante l'invasione della mucosa intestinale, come *Campylobacter jejuni* e *Shigella* spp., le manifestazioni cliniche tipiche comprendono febbre, tenesmo e diarrea emorragica (Graves, 2013; Tay et al., 2025). Anche in questo caso, quello appena descritto non è l'unico quadro con cui si manifestano queste infezioni. *Campylobacter jejuni* può causare sintomi di varia entità, da forme asintomatiche a manifestazioni che includono crampi addominali, nausea, vomito, brividi, febbre e diarrea acquosa, che può contenere sangue (World Health Organization, 2024; Centers for Disease Control and Prevention, 2026). La salmonellosi può presentarsi con diarrea acquosa, talvolta contenente sangue o muco, associata a crampi addominali, febbre, nausea, vomito e perdita di appetito (Centers for Disease Control and Prevention, 2024; EpiCentro, 2026).

Le gastroenteriti virali presentano generalmente un periodo di incubazione breve, di circa 1–2 giorni, e un decorso caratterizzato principalmente da vomito intenso, ma anche crampi

addominali, diarrea acquosa e, talvolta, febbre, con disidratazione di entità variabile come complicanza (*Desselberger and Gray, 2009; Posovszky et al., 2020*).

Uno dei principali agenti virali è il norovirus, microrganismo che causa un esordio rapido dei sintomi, 12–48 ore dopo l'esposizione, e si manifesta prevalentemente con nausea, vomito, diarrea acquosa, dolore addominale e, in alcuni casi, febbre (*Centers for Disease Control and Prevention, 2024; Patel et al., 2025*). Nonostante tutti questi sintomi, quello più caratteristico dell'infezione da norovirus è il vomito, che può essere particolarmente intenso, comparire anche in assenza di diarrea ed esporre il soggetto a complicanze come la disidratazione, che è particolarmente rilevante nei bambini piccoli, negli anziani e nei soggetti vulnerabili (*EpiCentro, 2018; Posovszky C., et al., 2020; Centers for Disease Control and Prevention, 2024; Patel et al., 2025*).

L'infezione da rotavirus può determinare diarrea, vomito e febbre alta, con una gravità variabile in relazione alle caratteristiche del virus e alle condizioni dell'ospite (*Desselberger and Gray, 2009; Posovszky et al., 2020*). Rispetto al norovirus, la diarrea associata al rotavirus e anche all'adenovirus, può avere una durata maggiore e per questo può determinare una significativa disidratazione accompagnata da alterazioni dell'equilibrio elettrolitico (*Posovszky et al., 2020; European Centre for Disease Prevention and Control, 2023*).

Le infezioni gastrointestinali sostenute da protozoi, come *Giardia duodenalis* e *Cryptosporidium*, presentano generalmente un andamento differente rispetto alle gastroenteriti batteriche e virali acute, poiché sono caratterizzate da un esordio più graduale e da una sintomatologia meno intensa (*Centers for Disease Control and Prevention, 2026*). La diarrea associata a queste infezioni può manifestarsi con circa 2–5 scariche al giorno e può protrarsi più a lungo. La durata della sintomatologia rappresenta pertanto un elemento utile nell'orientamento eziologico, poiché una diarrea persistente è frequentemente associata a un'eziologia parassitaria, pur potendo essere determinata anche da altre cause (*Fletcher et al., 2013; Centers for Disease Control and Prevention, 2026*).

1.6. Diagnostica

La diagnosi delle infezioni gastrointestinali è di notevole importanza per la gestione delle malattie diarroiche, poiché l'identificazione dell'agente causale consente di impostare un trattamento idoneo, gestire il paziente, effettuare una sorveglianza epidemiologica e progettare specifici interventi al fine di contenere la diffusione del microrganismo (Binnicker, 2015; Buss *et. al.*, 2015; Zboromyrska and Vila, 2016;). Tuttavia, la presentazione clinica non rappresenta un elemento utile per la diagnosi, perché è spesso aspecifica e sovrapponibile con diverse eziologie. Pertanto, sono necessari test di laboratorio specifici che svolgono un ruolo centrale soprattutto per la diagnosi in pazienti con malattia grave, sintomi prolungati o importanti fattori di rischio (Buss *et. al.*, 2015; Tansarli and Fang, 2026).

L'approccio diagnostico convenzionale, utilizzato per identificare i microrganismi responsabili delle infezioni gastrointestinali, si basa sull'integrazione di differenti metodiche di laboratorio, selezionate in relazione al sospetto diagnostico e alla sintomatologia del paziente. Tra queste metodiche rientrano la coltura delle feci e i test di sensibilità agli antibiotici, l'esame microscopico, la ricerca di antigeni e, più recentemente, l'impiego di singoli test PCR in tempo reale. Queste metodiche consentono di ricercare batteri, virus e parassiti intestinali, ma presentano caratteristiche diagnostiche e limiti differenti (Binnicker, 2015; Amjad, 2020).

La coltura delle feci, coprocoltura, rappresenta il metodo di riferimento per l'identificazione degli enteropatogeni batterici, poiché consente di confermare la presenza del microrganismo e di ottenere un isolato utile per ulteriori approfondimenti, come la determinazione della sensibilità agli antibiotici e le indagini epidemiologiche. Nonostante i vantaggi descritti, la coprocoltura presenta alcune limitazioni che possono condizionarne l'efficacia diagnostica. In particolare, la sensibilità risulta variabile e generalmente ridotta, e i tempi richiesti per l'identificazione dell'agente eziologico e il completamento dell'iter diagnostico sono relativamente lunghi (Amjad, 2020). L'esito dell'esame può essere anche influenzato dalle modalità di raccolta e gestione del campione, come nel caso di campioni fecali ottenuti dopo l'inizio di una terapia antibiotica, e dalla presenza di microrganismi caratterizzati da esigenze di crescita non convenzionali, che possono rendere più complessa l'identificazione (Carmon *et al.*, 2023).

Un altro fattore importante che può identificare una possibile variabile nell'esito dell'esame è la corretta selezione dei terreni e delle condizioni di coltura in relazione al microrganismo sospettato, rendendo importanti le informazioni cliniche e anamnestiche del paziente.

L'esame microscopico delle feci viene utilizzato per l'identificazione di uova e parassiti intestinali. Sebbene possa fornire un'evidenza diretta della presenza del parassita, questa metodica presenta una sensibilità generalmente limitata e richiede un'elevata competenza tecnica da parte dell'operatore, sia nella preparazione del campione sia nel riconoscimento delle strutture parassitarie. L'efficacia dell'indagine può essere ulteriormente condizionata dalla quantità di organismi presenti nel materiale analizzato; infatti, una bassa carica parassitaria può rendere più difficile il rilevamento (*Amjad, 2020*).

Tra le metodiche convenzionali rientra anche la ricerca degli antigeni mediante test immunoenzimatici (EIA), utilizzati per l'identificazione di alcuni agenti eziologici di natura virale, batterica o parassitaria. Questi test presentano il vantaggio di essere semplici da eseguire, ma possono presentare una sensibilità ridotta e il loro utilizzo è limitato dal fatto non sono disponibili per tutti gli enteropatogeni (*Zboromyrska and Vila, 2016; Amjad, 2020*).

A queste metodiche si sono affiancati i test molecolari basati sulla PCR, inizialmente sviluppati prevalentemente come analisi singleplex e successivamente multiplex, finalizzate alla ricerca degli acidi nucleici dei microrganismi o di un determinato bersaglio molecolare, consentendo di ottenere risultati in tempi più brevi rispetto alle metodiche tradizionali (*Binnicker, 2015; Buss S. N., 2015; Amjad, 2020*).

L'impiego della PCR nella diagnosi delle infezioni gastrointestinali deve tuttavia tenere conto delle caratteristiche della matrice fecale, particolarmente complessa per la presenza di un'elevata quantità di microrganismi appartenenti alla normale microflora intestinale e di sostanze che possono interferire con le reazioni di amplificazione, compromettendo l'efficienza della PCR (*Burd and Hinrichs, 2015*).

Nel complesso, coltura, microscopia, ricerca degli antigeni e PCR presentano vantaggi e limitazioni differenti in termini di sensibilità, complessità tecnica e ampiezza dei microrganismi rilevabili. A questo segue anche la necessità di integrare metodiche differenti e di selezionare di volta in volta il test più appropriato, associata ai tempi di risposta talvolta prolungati e alla possibilità di non identificare l'agente eziologico. Tutto ciò ha favorito lo sviluppo di strategie in grado di ricercare simultaneamente più patogeni responsabili della stessa sindrome clinica (*Binnicker, 2015; Zboromyrska and Vila, 2016; Amjad, 2020*).

È proprio in questo contesto che si inserisce il passaggio dalla diagnostica convenzionale ai pannelli molecolari multiplex/sindromici, che permettono di superare, almeno in parte, la necessità di selezionare preventivamente il singolo agente eziologico da ricercare e di ampliare contemporaneamente lo spettro dei patogeni indagabili a partire da un unico campione clinico (*Binnicker, 2015; Tansarli and Fang, 2026*).

Le piattaforme di diagnostica molecolare multiplex per la ricerca dei patogeni gastrointestinali sono diverse e si distinguono per il numero e la tipologia di target ricercati. Possono essere suddivisi in pannelli sindromici completi, in grado di ricercare contemporaneamente batteri, virus, parassiti e tossine batteriche, e pannelli più mirati, rivolti a specifici gruppi di microrganismi (*Zhan et al., 2020; Harrington et al., 2015*).

Tra i pannelli sindromici che identificano contemporaneamente un'ampia gamma di target rientrano Luminex xTAG Gastrointestinal Pathogen Panel (GPP), il quale rileva 7 batteri, 2 tossine batteriche, 3 virus e 3 parassiti, e Verigene Enteric Pathogens (EP), che permette l'identificazione di 9 analiti appartenenti a batteri, tossine batteriche e virus (*Binnicker, 2015; Zhan et al., 2020*). In questo contesto si colloca anche il BioFire FilmArray Gastrointestinal Panel (GI Panel), un sistema multiplex sindromico in grado di rilevare simultaneamente 22 target appartenenti a diverse categorie di patogeni gastrointestinali (*Zhan et al., 2020*). L'integrazione di un ampio numero di target in un'unica analisi, associata alla rapidità, all'automazione e alle elevate prestazioni diagnostiche, rappresenta uno dei principali vantaggi di questa piattaforma. Tali caratteristiche possono risultare particolarmente utili nei pazienti ospedalizzati e immunocompromessi e nelle situazioni in cui una diagnosi eziologica rapida può influenzare la scelta terapeutica o l'adozione di misure di controllo delle infezioni (*Binnicker, 2015; Burd and Hinrichs, 2015*).

Oltre a questi pannelli appena descritti, tra quelli ad ampia copertura rientra anche Allplex Gastrointestinal Panel Assays (AGPA), il quale effettua quattro reazioni multiplex che consentono di rilevare 13 batteri, 6 virus e 6 parassiti. I pannelli comprendono diversi patogeni gastrointestinali, tra cui *Salmonella*, *Campylobacter*, *Yersinia enterocolitica*, *Vibrio*, *Aeromonas*, *Shigella*/EIEC, *Clostridium difficile* e differenti categorie di *Escherichia coli* diarrogenici (*Amrud et al., 2018*).

Tra i sistemi più recentemente sviluppati rientra il QIAstat-Dx Gastrointestinal Panel 2, una piattaforma PCR multiplex in grado di rilevare 17 target con un tempo di esecuzione di circa 80 minuti (*Szymczak et al., 2025*).

Passando alle piattaforme che adottano un approccio mirato, è presente il BD MAX, un sistema PCR automatizzato che utilizza pannelli specifici per differenti gruppi di patogeni gastrointestinali (Zhan Z., et al., 2020). Il pannello batterico enterico (EBP) consente la rilevazione di *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Campylobacter jejuni/coli* e dei geni della tossina Shiga *stx1* e *stx2* (Harrington et al., 2015), l'Extended Enteric Bacterial Panel (xEBP) amplia la ricerca includendo *Yersinia enterocolitica*, *Escherichia coli* enterotossigeno, *Vibrio* spp. e *Plesiomonas shigelloides*. La piattaforma dispone inoltre di due pannelli specifici, uno per la ricerca dei parassiti enterici (EPP) e uno per la ricerca dei virus enterici (EVP) (Simner et al., 2017).

1.7. Prevenzione

La prevenzione delle infezioni gastrointestinali si basa sull'adozione di comportamenti e misure a diversi livelli, al fine di impedire o limitare la diffusione dei microrganismi.

L'igiene delle mani rappresenta una delle principali misure di prevenzione sia in ambito assistenziale che domestico e deve sempre essere attuata, ma è fondamentale soprattutto dopo l'utilizzo dei servizi igienici, dopo il contatto con materiale fecale e prima di preparare o consumare gli alimenti (*Posovszky et al., 2020; Epicentro, 2023; World Health Organization, 2024*). È importante che il lavaggio venga effettuato con acqua e sapone quando le mani sono visibilmente sporche, mentre in altre circostanze può essere utilizzata una soluzione idroalcolica per l'igiene delle mani (*World Health Organization, 2024*). In alcune infezioni sono tuttavia necessarie indicazioni specifiche. Nel caso di *Clostridioides difficile* il lavaggio delle mani con acqua e sapone assume particolare importanza, poiché i prodotti a base alcolica non risultano efficaci nei confronti delle spore del microrganismo (*Czepiel et al., 2019*).

Anche la disponibilità di acqua sicura costituisce un elemento fondamentale e non soltanto per il consumo, ma anche per la preparazione degli alimenti, la produzione del ghiaccio, il lavaggio degli alimenti e le attività di pulizia (*World Health Organization, 2024*).

Quando la sicurezza dell'acqua non è certa, essa deve essere sottoposta a trattamenti come bollitura, filtrazione o clorazione, prima di essere utilizzata (*World Health Organization, 2020; 2024*).

La disponibilità di servizi igienici adeguati rappresenta un ulteriore elemento della prevenzione, soprattutto negli ambienti sanitari e comunitari. I servizi devono essere facilmente accessibili, mantenuti puliti e sottoposti a regolare disinfezione, e bisogna evitare la contaminazione dell'ambiente attraverso feci, schizzi o aerosol. Oltre a questo, è fondamentale anche un corretto smaltimento delle acque reflue mediante sistemi adeguati, quali reti fognarie, fosse settiche o altri sistemi, verificandone periodicamente l'integrità.

Nel caso in cui invece vengano utilizzati padelle e secchi per la raccolta degli escrementi, bisogna assicurarsi che siano correttamente puliti e disinfettati (*World Health Organization, 2024*).

La sicurezza degli alimenti rappresenta un elemento fondamentale nella prevenzione delle infezioni gastrointestinali a trasmissione alimentare. Le principali misure preventive devono

essere applicate durante tutte le fasi della gestione degli alimenti, dalla scelta delle materie prime alla preparazione, conservazione e distribuzione. L'Organizzazione Mondiale della Sanità ha sintetizzato tali pratiche nelle cosiddette "Cinque chiavi per alimenti più sicuri": mantenere la pulizia, separare gli alimenti crudi da quelli cotti, cuocere accuratamente gli alimenti, mantenere gli alimenti a temperature sicure e utilizzare acqua e materie prime sicure.

La prima di queste misure consiste nel mantenere un'adeguata pulizia delle mani, delle superfici, degli utensili e delle attrezzature utilizzate durante la preparazione degli alimenti (*World Health Organization, 2006*). È inoltre molto importante proteggere le aree destinate alla preparazione e alla distribuzione dalla presenza di insetti e animali, così da ridurre il rischio di contaminazione degli alimenti (*EpiCentro, 2025*). Anche le condizioni di salute degli addetti alla manipolazione degli alimenti rappresentano un elemento rilevante nella prevenzione, infatti chi presenta diarrea, vomito, febbre o lesioni cutanee deve evitare di manipolare gli alimenti e segnalare la propria condizione al responsabile (*World Health Organization, 2024; EpiCentro, 2025*).

La cottura completa costituisce una misura fondamentale per garantire la sicurezza degli alimenti, soprattutto per quelli di origine animale. Gli alimenti devono raggiungere temperature sufficienti a eliminare i microrganismi patogeni eventualmente presenti. (*World Health Organization, 2006*). L'importanza della cottura è particolarmente evidente nella prevenzione delle infezioni da *Campylobacter*, per le quali il trattamento termico degli alimenti rappresenta un metodo efficace per eliminare il microrganismo (*World Health Organization, 2020*). Analogamente, anche per *Salmonella* e STEC è raccomandata un'adeguata cottura degli alimenti a rischio, tra cui pollame, carne macinata e uova, ed è inoltre preferibile consumare latte pastorizzato (*World Health Organization, 2018; EpiCentro, 2023*).

Sempre in relazione alla cottura del cibo, è fondamentale mantenere separati gli alimenti crudi da quelli cotti, al fine di ridurre il rischio di contaminazione crociata e impedire il trasferimento di microrganismi dagli alimenti che necessitano di cottura a quelli già pronti per il consumo (*World Health Organization, 2006; EpiCentro, 2025*).

Anche la corretta conservazione degli alimenti contribuisce in modo significativo. Gli alimenti deperibili devono essere refrigerati rapidamente e non devono essere lasciati a temperatura ambiente per periodi prolungati. È preferibile conservarli a temperature inferiori

a 5 °C, mentre gli alimenti cotti destinati al servizio dovrebbero essere mantenuti a temperature superiori a 60 °C (*World Health Organization, 2006; 2024*).

Accanto alle misure di sicurezza alimentare, la prevenzione di alcune infezioni gastrointestinali può avvalersi anche della vaccinazione. In particolare, la vaccinazione contro il rotavirus rappresenta un importante strumento, soprattutto nei bambini piccoli, nei quali l'infezione può determinare forme cliniche caratterizzate da disidratazione. I vaccini disponibili, che vengono somministrati per via orale, hanno dimostrato un'elevata efficacia e la loro introduzione nei programmi vaccinali ha contribuito a ridurre significativamente il rischio di sviluppare forme cliniche severe, determinando una diminuzione delle ospedalizzazioni e della gravità delle gastroenteriti da rotavirus nei bambini (*European Centre for Disease Prevention and Control, 2023*).

2. SCOPO DEL LAVORO

Il presente studio, condotto presso il Laboratorio di Microbiologia e Virologia dell'Azienda Ospedaliero Universitaria "SS. Antonio e Biagio e Cesare Arrigo" di Alessandria, ha come scopo principale la valutazione epidemiologica delle infezioni gastrointestinali attraverso l'analisi di campioni clinici effettuate mediante FilmArray Gastrointestinal Panel, nel periodo compreso tra dicembre 2021 e aprile 2026. L'obiettivo è stato quello di analizzare la distribuzione delle infezioni gastrointestinali nella popolazione esaminata, andando ad identificare i principali agenti eziologici e valutando con quale frequenza vengono rilevati nel periodo considerato. Un ulteriore aspetto considerato è stato valutare la presenza di coinfezioni, con l'intento di verificare se alcune associazioni tra patogeni risultino più frequenti rispetto ad altre.

Tra gli aspetti presi in considerazione in questo studio rientrano anche la valutazione della stagionalità delle infezioni gastrointestinali, per individuare eventuali periodi caratterizzati da una maggiore frequenza di positività, e la distribuzione delle infezioni in relazione all'età dei pazienti, con l'obiettivo di evidenziare le fasce di età maggiormente interessate e verificare eventuali differenze nella frequenza dei singoli microrganismi in relazione all'età.

Particolare attenzione è stata rivolta alla valutazione delle cartelle cliniche dei pazienti, così da poter mettere in relazione i risultati microbiologici con la sintomatologia. È stata valutata la presenza e la frequenza dei principali sintomi, cercando di individuare eventuali associazioni ricorrenti tra specifici microrganismi e determinate manifestazioni cliniche. L'analisi di questi aspetti ha permesso di affiancare il risultato qualitativo dell'analisi al quadro clinico, fornendo una visione più completa delle infezioni gastrointestinali osservate durante il periodo di studio.

3. MATERIALI E METODI

3.1. Raccolta del campione

Per determinare la presenza dei microrganismi enterici viene effettuato un prelievo di materiale fecale mediante un tampone. Nel laboratorio di Microbiologia e Virologia dell'Ospedale di Alessandria viene utilizzato il modello FecalSwab® 470CE (prodotto da Copan), che si compone di una provetta con tappo a vite verde, riempita con 2 ml di terreno di coltura Cary-Blair modificato e un tampone con punta floccata in fibra di nylon (Figura 1).



Figura 1. Kit tampone FecalSwabe® 470CE (Copan)

Sullo stelo del tampone è stampata una linea rossa che evidenzia il punto di rottura che, in seguito al prelievo del campione, ne agevola la rottura e consente il corretto inserimento all'interno del tappo al momento della chiusura (Figura 2). L'applicatore del tampone floccato può essere utilizzato per raccogliere il campione clinico rettale o come strumento di trasferimento per campioni di feci.

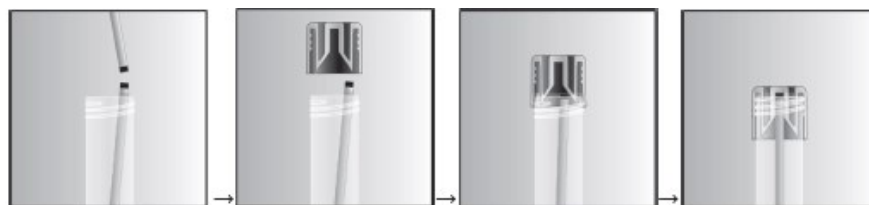


Figura 2. Procedura per l'inserimento dello stelo del tampone nel tappo

Il terreno Cary-Blair modificato contenuto all'interno della provetta è un terreno di trasporto e conservazione non nutritivo che consente di mantenere la vitalità dei microrganismi durante il trasporto al laboratorio. Questo terreno contiene:

- Sali di cloruro
- Sali di sodio

- Tampone fosfato
- L-cisteina
- Agar
- Acqua distillata

3.2. BioFire FilmArray Gastrointestinal (GI) Panel

Per l'analisi dei campioni fecali è stato utilizzato lo strumento BioFire FilmArray GI Panel, il quale consente di rilevare e identificare simultaneamente gli acidi nucleici di 22 microrganismi, tra cui batteri, virus e parassiti, e di fornirne un risultato di tipo qualitativo.

Il funzionamento del FilmArray si basa su una cartuccia monouso, costituita da un serbatoio in polipropilene termosaldato a due fogli di pellicola di poliestere/polipropilene per poter realizzare una serie di canali e di camere, all'interno delle quali sono presenti i reagenti necessari per l'estrazione degli acidi nucleici, la retrotrascrizione, la PCR multiplex e la successiva rilevazione dei prodotti di amplificazione. I reagenti sono prevalentemente liofilizzati e conservati sottovuoto, consentendo di mantenerli stabili e semplificare le operazioni di preparazione prima dell'analisi.

Dopo la preparazione del campione e l'inserimento della cartuccia nel macchinario, il processo viene eseguito automaticamente. Il campione viene inizialmente sottoposto a lisi meccanica mediante agitazione vigorosa in presenza di microsfere di ceramica, che consentono il rilascio del materiale genetico e, successivamente, questo viene purificato mediante microsfere magnetiche. Il materiale genetico viene poi eluito e trasferito, grazie ad un sistema pneumatico costituito da pistoni, membrane e guarnizioni, alla fase successiva.

Il sistema utilizza una PCR multiplex annidata in due fasi. Nel primo stadio, il materiale genetico purificato viene sottoposto, per i target a RNA, a trascrizione inversa e successivamente ad amplificazione mediante una miscela contenente i primer specifici per i diversi microrganismi del pannello. Il prodotto ottenuto viene successivamente diluito e distribuito nei vari pozzetti, ciascuno dei quali contiene un primer specifico. Questi primer riconoscono e si legano all'interno delle sequenze prodotte nella prima amplificazione e poi avviene un secondo ciclo di PCR.

Al termine della seconda fase di amplificazione, il DNA a doppio filamento viene analizzato mediante un colorante fluorescente che si lega al DNA. Durante il successivo incremento controllato della temperatura, la variazione della fluorescenza consente di ottenere una curva di melting, dalla quale viene determinata la temperatura di fusione dell'amplicone, che viene poi confrontata con l'intervallo previsto per lo specifico prodotto. La presenza di una curva compatibile con quella attesa permette al sistema di stabilire se il target è stato rilevato (*Poritz et al., 2011; Poritz and Lingenfelter, 2018*).

3.3. Gestione e preparazione dei campioni clinici

I campioni arrivano al laboratorio muniti di etichetta identificativa sulla quale sono riportati il barcode, il codice identificativo, la data di nascita e il nome del paziente, il reparto di provenienza, la data del prelievo e il tipo di esame richiesto. Insieme alla provetta arrivano il foglio con la richiesta dell'esame e il foglio di accompagnamento, in cui è presente la sintomatologia inerente alla tipologia di esame richiesta.

Viene effettuato il check-in del campione mediante il sistema operativo Concerto, al fine di garantire la tracciabilità e l'associazione del risultato al relativo campione. Successivamente, sotto cappa, si procede con la preparazione del campione.

Il kit per l'analisi col BioFire FilmArray GI Panel comprende:

- Cartuccia del pannello Gastrointestinale, confezionata singolarmente in una confezione sigillata sottovuoto;
- Fiale monouso di soluzione tampone per campioni;
- Fiale monouso preriempite per l'idratazione della cartuccia (blu);
- Fiale monouso per l'iniezione dei campioni (rosse);
- Pipette di trasferimento monouso confezionate singolarmente.

3.3.1. Procedura

La procedura si compone di 4 step: allestimento del rack di caricamento; idratazione cartuccia; preparazione e caricamento della miscela del campione; inserimento della cartuccia nel macchinario per eseguire l'analisi.

a. Allestimento del rack di caricamento

Sotto cappa vengono posizionati i materiali necessari alla procedura e successivamente viene preparato il rack di caricamento. La fiala per l'iniezione del campione viene posizionata sul lato sinistro del rack di caricamento e quella per l'idratazione viene posizionata sul lato destro (Figura 3).



Figura 3. Materiali necessari per la preparazione dell'analisi (rack, fiala di soluzione tampone, fiala con soluzione idratante, fiala per l'iniezione del campione, pipetta di trasferimento e cartuccia FilmArray Gastrointestinal Panel)

La cartuccia, una volta estratta dalla confezione sottovuoto, viene posizionata sul rack allineando le parti blu e rosse presenti sulla cartuccia, alle frecce dello stesso colore sul rack.

b. Idratazione della cartuccia

Una volta preparato il rack di caricamento, si svita la fiala di idratazione e si inserisce la punta nella porta di idratazione della cartuccia. Si preme con forza finché non si sente un leggero scatto e si attende che tutti i pozzetti vengano idratati (Figura 4).

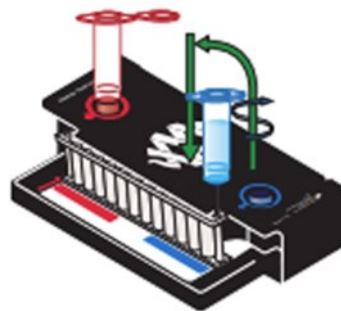


Figura 4. Idratazione della cartuccia

c. Preparazione e caricamento della miscela del campione

Si procede con la preparazione della fiala per l'iniezione del campione inserendo all'interno la soluzione tampone. Dopodiché è necessario mescolare, mediante inversione, il campione del paziente, che viene poi prelevato con una pipetta di trasferimento, la quale deve essere riempita fino alla seconda tacca (circa 0,2 mL).

La fiala per l'iniezione viene capovolta 3 volte, al fine di favorire l'omogeneizzazione del campione con i reagenti. Successivamente, viene riposizionata sul rack, quindi il tappo viene rimosso e la fiala viene inserita nell'apposito spazio di caricamento sulla cartuccia (Figura 5).



Figura 5. Inserimento del campione nella cartuccia

d. Inserimento della cartuccia nel macchinario per eseguire l'analisi

Una volta completata la preparazione, la cartuccia viene trasferita allo strumento (Figura 6).



Figura 6. BioFire® FilmArray® Torch

Per avviare la seduta bisogna selezionare un modulo disponibile, scansionare il codice a barre presente sulla cartuccia oppure inserire manualmente l'ID del campione, e, successivamente, inserire la cartuccia nell'apposito modulo presente sullo strumento (Figura 7).

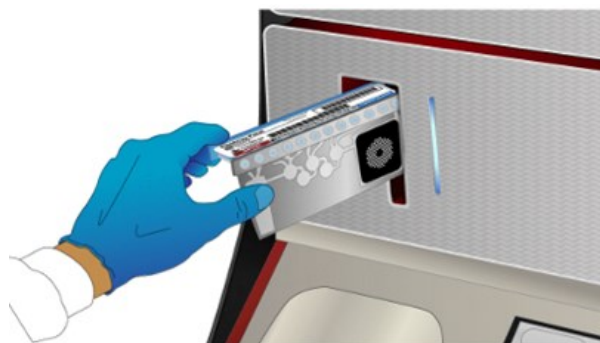


Figura 7. Inserimento della cartuccia nell'apposito modulo dello strumento

Una volta inserita la cartuccia, bisogna selezionare il protocollo, inserire nome utente e password e successivamente avviare la seduta analitica.

Al termine della seduta, la cartuccia viene parzialmente espulsa dallo strumento.

3.3.2. Report finale

Per poter visualizzare il report finale, è necessario cliccare sullo schermo touch “Browse Runs”, selezionare il pannello e la seduta e, infine, cliccare su “View Report”.

Ogni report contiene:

- “Run Summary” in cui sono presenti l'ID campione, l'ora e la data dell'esecuzione, i risultati del controllo interno e un riepilogo generale dei risultati del test (Figura 8);

 FilmArray® GI Panel Mid		 BIO FIRE® BY BIONELEVA www.BioFireDx.com	
Run Summary			
Sample ID: Sample ID 3 ²		Run Date: 10 Sep 2024	
1 Detected: <i>Salmonella</i>		2 Controls: Passed	

Figura 8. “Run Summary”: 1) ID campione, risultati del test e 2) ora e data dell'esecuzione e risultati del controllo interno

- “Result Summary” con l'elenco di tutti i microrganismi che vengono identificati dal pannello GI con i relativi risultati (Figura 9);

Result Summary		
Bacteria		
Not Detected	Campylobacter (<i>C. jejuni</i> / <i>C. coli</i> / <i>C. upsaliensis</i>)	
✓ Detected	Salmonella	
Not Detected	Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i> (STEC) <i>stx1/stx2</i>	
Not Detected	Shigella/Enteroinvasive <i>E. coli</i> (EIEC)	
Not Detected	Vibrio (<i>V. parahaemolyticus</i> / <i>V. vulnificus</i> / <i>V. cholerae</i>)	
Not Detected	Yersinia enterocolitica	
Parasites		
Not Detected	Cryptosporidium	
Not Detected	Cyclospora cayentanensis	
Not Detected	Giardia lamblia	
Viruses		
Not Detected	Norovirus GI/GII	

Figura 9. “Result Summary”

- “Run Details” che presenta le informazioni della cartuccia (tipo, numero di lotto e numero di serie), stato dell'esecuzione, il protocollo utilizzato, l'identità dell'operatore che ha eseguito il test e lo strumento utilizzato per eseguirlo (Figura 10).

Run Details			
Pouch:	GI Panel Mid v2.1	Protocol:	Stool FA v3.4
Run Status:	Completed	Operator:	Mandy Mieu (mm)
Serial No.:	SIM002	Instrument:	FA2 DEFAULT Sim 1
Lot No.:	SIM000		

Figura 10. “Run Details”

3.4. TrakCare

TrakCare è un Sistema Informativo Ospedaliero (SIO) integrato, progettato per supportare la gestione del paziente lungo l'intero percorso di cura. Il sistema riunisce in un'unica piattaforma funzionalità cliniche, amministrative e specifiche dei diversi reparti e servizi sanitari, permettendo di raccogliere e condividere le informazioni relative al paziente tra i professionisti coinvolti nell'assistenza.

Il nucleo della piattaforma è costituito dal Dossier Sanitario Elettronico (Electronic Patient Record, EPR), che raccoglie le informazioni cliniche e amministrative del paziente, tra cui dati anagrafici, anamnestici, diagnosi, episodi assistenziali e prestazioni, e dal Master Patient Index (MPI), che consente l'identificazione univoca del paziente all'interno dell'organizzazione sanitaria.

Tra le componenti principali di TrakCare rientrano il Patient Administration System (PAS), che supporta i processi amministrativi e organizzativi relativi alla gestione dei pazienti, e il Clinical Information System (CIS), dedicato alla documentazione e alla gestione delle attività clinico-assistenziali.

TrakCare è inoltre caratterizzato dall'integrazione tra i diversi moduli applicativi e dalla possibilità di interoperare con sistemi sanitari esterni. La piattaforma mette a disposizione anche strumenti di analisi e visualizzazione dei dati, consentendo agli operatori autorizzati di consultare informazioni aggiornate a supporto delle attività cliniche e organizzative.

Questo sistema operativo è stato utilizzato nel presente studio per la visualizzazione delle cartelle cliniche o, nel caso in cui queste contenessero poche informazioni, del diario infermieristico, per poter valutare la sintomatologia che ha portato alla richiesta del FilmArray Gastrointestinal Panel.

4. RISULTATI

4.1. Positività, sesso ed età dei pazienti inclusi nello studio

Durante l'intervallo di tempo considerato, compreso tra Dicembre 2021 e Aprile 2026, sono state eseguite 2401 analisi mediante il FilmArray Gastrointestinal Panel. Di queste, 1069 sono risultate positive per uno o più microrganismi, evidenziando un tasso di positività complessivo pari a circa il 44,50% del totale.

Considerando esclusivamente i campioni risultati positivi, la distribuzione per sesso ha evidenziato che il 59,12% (632 pazienti) erano di sesso maschile, mentre il 40,88% (437 pazienti) di sesso femminile.

Nella stessa popolazione, l'età media dei pazienti è risultata pari a $40,0 \pm 32,9$ anni, con una mediana di 36,5 anni e un range compreso tra 0 e 99 anni.

Al fine di caratterizzare in modo più preciso la popolazione in studio, i pazienti sono stati suddivisi per fasce di età.

Come si può notare dalla Tabella 1, il maggior numero di campioni positivi appartiene alla fascia d'età 15 – 64 anni, con 302 campioni positivi, corrispondenti a circa il 28,25% del totale. A seguire, in ordine decrescente, c'è la fascia d'età 65 – 84 anni (263 campioni positivi; 24,60%), 0 – 4 anni (206 campioni positivi; 19,27%), 5 – 14 anni (198 campioni positivi; 18,52%) e 85 – 99 anni (100 campioni positivi; 9,35%).

Tabella 1. Divisione dei campioni positivi per fasce di età

Range di età	Numero Positivi	Percentuale Positivi
0 - 4 anni	206	19,27%
5 - 14 anni	198	18,52%
15 - 64 anni	302	28,25%
65 - 84 anni	263	24,60%
85 - 99 anni	100	9,35%
Totale	1069	100,00%

Come ultimo aspetto relativo ai dati demografici dei pazienti con risultato positivo, sono stati messi in relazione le fasce d'età con il sesso. Come si nota dal Grafico 1, l'aspetto che risalta maggiormente è la quasi totale predominanza del sesso maschile, ad eccezione della

fascia d'età 85 – 99 anni, in cui si sono riscontrati 30 pazienti di sesso femminile in più rispetto a quelli di sesso maschile.

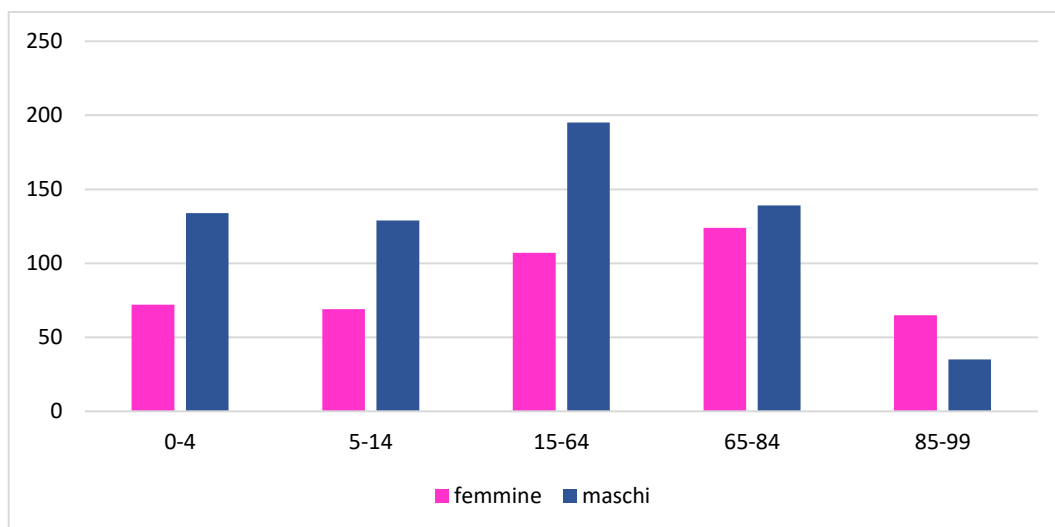


Grafico 1. Relazione tra fasce d'età e sesso

4.2. Reparti di provenienza

Data l'ampia varietà dei reparti di provenienza dei campioni positivi, quest'ultimi sono stati raggruppati in aree assistenziali, come si può osservare nel Grafico 2. La distribuzione evidenzia una maggiore concentrazione dei campioni positivi provenienti dall'area pediatrica (437), seguita da due aree caratterizzate dalla stessa frequenza, ovvero l'area medica (270) e quella dell'emergenza/critica (270). Seguono poi l'area ambulatoria (46), l'area chirurgica (34) e l'area riabilitativa (12).

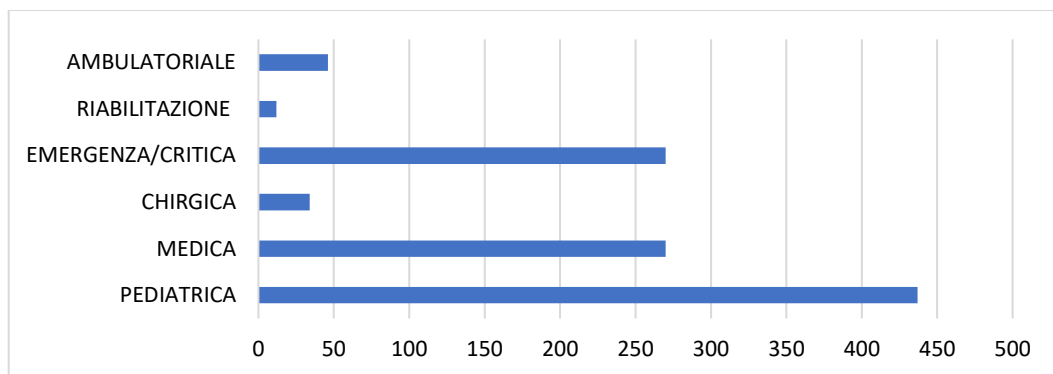


Grafico 2. Distribuzione campioni positivi per aree assistenziali

4.3. Stagionalità campioni positivi

Le positività riscontrate nel corso dello studio sono state messe in relazione con i mesi dell'anno, al fine di valutare ed eventualmente evidenziare un andamento tipico. Come si può notare nel Grafico 3, nel corso dello studio si è osservato un progressivo incremento del numero di positività, con una marcata variazione tra gli anni. Nel 2022 i campioni positivi analizzati sono stati complessivamente 150, mentre nel 2023 il numero è aumentato a 195. Questa tendenza risulta particolarmente evidente nel 2024, anno in cui sono stati registrati 302 campioni positivi, pari a un aumento del 54,9% rispetto all'anno precedente. Nel 2025 il numero complessivo è ulteriormente aumentato, raggiungendo 320 campioni positivi e configurandosi come l'anno con il maggior numero di eventi nel periodo analizzato.

Analizzando i singoli mesi di ogni anno, si osserva una maggiore frequenza nei mesi primaverili ed estivi ed una minore durante i mesi invernali. Nel periodo 2021-2022, i valori più bassi sono stati registrati durante i mesi invernali (6–12 campioni positivi), seguiti da un graduale aumento fino a raggiungere i valori massimi nei mesi di maggio e agosto, rispettivamente con 20 e 21 campioni positivi. Nel 2023, i valori massimi sono stati registrati nei mesi di settembre (31 campioni positivi) e dicembre (25 isolati). Nel 2024, si sono osservati valori relativamente elevati già nei primi mesi dell'anno, con 17–28 campioni positivi tra gennaio e aprile e un picco massimo nel mese di agosto (34 campioni positivi). Nel 2025, i valori più bassi sono stati registrati nei mesi invernali (12 – 28 campioni positivi), mentre i picchi maggiori si sono osservati nei mesi di maggio (34), luglio (38), agosto (34) e settembre (34).

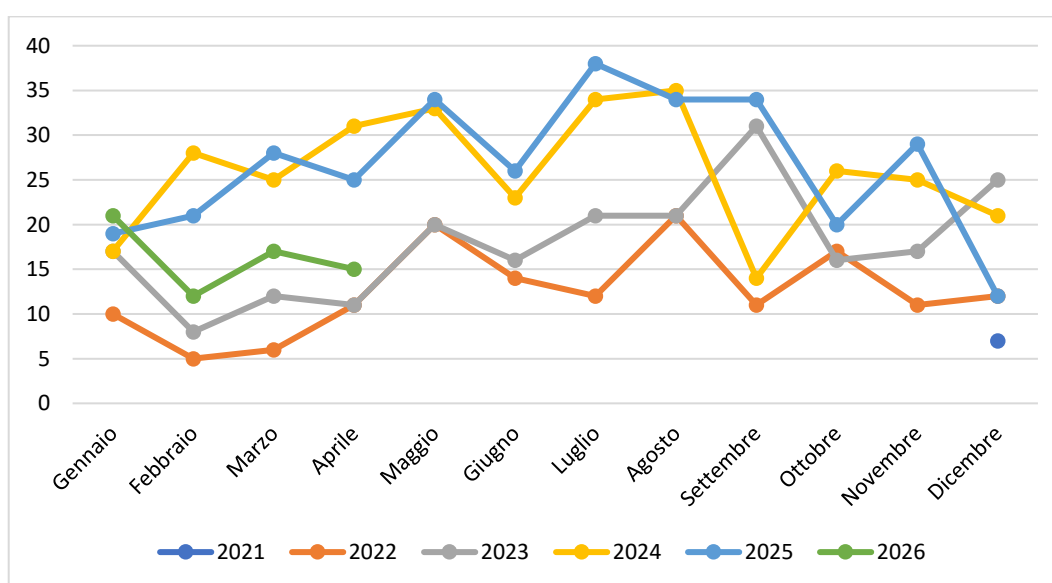


Grafico 3. Campioni positivi in relazione ai mesi e anni del periodo di studio

4.4. Microrganismi identificati con FilmArray Gastrointestinal Panel

L'analisi mediante il FilmArray Gastrointestinal Panel ha permesso di identificare un totale di 1421 microrganismi. Come si può notare dalla Tabella 2, i tre microrganismi identificati con maggiore frequenza, sia sul totale sia in relazione al gruppo dei batteri, sono *Campylobacter* e *Clostridium difficile* toxin A/B, entrambi con un numero di identificazione pari a 281, ed Enteropathogenic *E. coli*, che è stato riscontrato 238 volte, corrispondente circa al 16,75% sul totale. Sempre in relazione alla frequenza di isolamento, a questi tre segue *Salmonella*, che è stata identificata 94 volte, rappresentando circa il 6,6% dei microrganismi identificati. Gli altri patotipi di *E. coli*, a differenza di quello descritto precedentemente, sono stati isolati con frequenza minore, circa 82 positività per Enteroaggregative *E. coli* e 52 per Enterotoxigenic *E. coli*.

In relazione ai virus, quello maggiormente identificato è stato norovirus GI/II, riscontrato 127 volte (8,94%), seguito poi rotavirus A (55), sapovirus (45), adenovirus F 40/41 (36) e astrovirus (10).

Valutando il valore dei parassiti riportati in Tabella, si può osservare che sono quelli che presentano una minore frequenza di isolamento. Considerandoli in ordine crescente, *Cyclospora cayetanensis* non è stato identificato in nessun campione, *Entamoeba histolytica* è stato riscontrato 3 volte, *Cryptosporidium* 5 volte e, infine, il parassita isolato con maggiore frequenza è *Giardia lamblia*, con un numero pari a 31, corrispondente a circa il 2,18% sul totale.

Tabella 2. Microrganismi e frequenza di isolamento

Microrganismo	N	%
<i>Campylobacter</i>	281	19,77%
<i>Clostridium difficile</i> toxin A/B	281	19,77%
<i>Plesiomonas shigelloides</i>	2	0,14%
<i>Salmonella</i>	94	6,62%
<i>Vibrio</i>	4	0,28%
<i>Vibrio cholerae</i>	2	0,14%
<i>Yersinia enterocolitica</i>	19	1,34%
Enteroaggregative <i>E. coli</i>	82	5,77%
Enteropathogenic <i>E. coli</i>	238	16,75%
Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	52	3,66%

Microrganismo	N	%
Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i> stx1/stx2	43	3,03%
<i>E. coli</i> O157	4	0,28%
<i>Shigella</i> /Enteroinvasivo <i>E. coli</i>	7	0,49%
<i>Cryptosporidium</i>	5	0,35%
<i>Cyclospora cayetanensis</i>	0	0,00%
<i>Entamoeba histolytica</i>	3	0,21%
<i>Giardia lamblia</i>	31	2,18%
Adenovirus F 40/41	36	2,53%
Astrovirus	10	0,70%
Norovirus GI/GII	127	8,94%
Sapovirus	45	3,17%
Rotavirus A	55	3,87%
Totale	1421	100,00%

4.4.1. Microrganismo per fascia d'età

Analizzando la distribuzione di ciascun microrganismo identificato per le diverse fasce di età dei pazienti risultati positivi, è emerso che per alcuni patogeni esiste una prevalenza in alcune fasce d'età (Grafico 4).

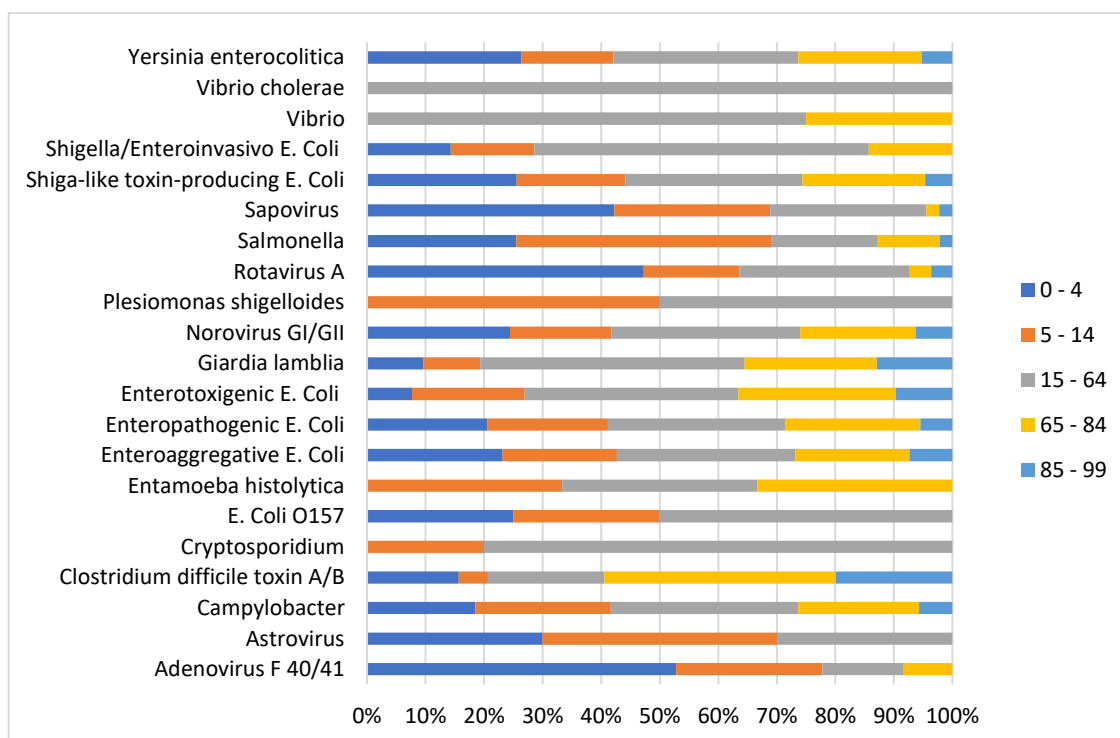


Grafico 4. Frequenza dei microrganismi isolati in relazione alle diverse fasce di età

Considerando i batteri, *Salmonella*, *Clostridium difficile* toxin A/B ed Enterotoxigenic *E. coli* sono quelli che hanno mostrato una maggiore variabilità in relazione all'età del paziente.

Salmonella è stata identificata maggiormente nelle fasce d'età più giovani, con il 25,5% delle rilevazioni di questo microrganismo nei soggetti di età compresa tra 0 e 4 anni e un 43,62% nella fascia d'età 5 – 14 anni.

Clostridium difficile toxin A/B, a differenza del precedente, presenta una distribuzione maggiormente orientata verso l'età adulta, considerando che il picco più alto, pari a circa 39,50%, è stato riscontrato nei soggetti di età compresa tra 65 – 84 anni.

Una frequenza ancora diversa rispetto a quelle appena citate è rappresentata da Enterotoxigenic *E. coli*, che ha mostrato una frequenza di isolamento maggiore nella fascia d'età 15 – 64 anni (36,54%).

Passando ai virus, i soggetti di età più giovane sono risultati quelli maggiormente colpiti. Adenovirus F40/41 presenta la frequenza di isolamento più elevata nei soggetti di età compresa tra 0 e 4 anni, rappresentando circa il 52,78% dell'isolamento totale del virus. Questo dato risulta particolarmente importante se confrontato con le fasce d'età 65 – 84 e 85 – 99 anni, che rappresentano rispettivamente l'8,33% e lo 0% degli isolamenti del microrganismo. Considerando gli altri virus, nonostante la differenza non sia così marcata, si osserva un andamento simile: rotavirus A circa il 47,27% e sapovirus circa 42,22% nella fascia d'età 0 – 4 anni, mentre astrovirus circa 40,00% nei soggetti tra 5 e 14 anni. L'unica eccezione è rappresentata dal norovirus, che è stato maggiormente isolato nella fascia d'età 15 – 64 anni.

Infine, osservando la distribuzione dei parassiti, *Giardia lamblia* ha mostrato una maggiore concentrazione nella popolazione adulta: il 45,16% delle rilevazioni è stato osservato nella fascia 15 – 64 anni, mentre il 22,6% nella fascia 65 – 84 anni.

4.4.2. Stagionalità dei microrganismi isolati

Un altro aspetto che è stato valutato dei microrganismi è se esiste una frequenza in relazione ai vari mesi dell'anno. Come si può osservare nella Tabella 3, emerge una distribuzione temporale diversa: nel primo trimestre sono stati identificati 316 microrganismi, nel secondo 360, nel terzo 431 e nel quarto 314.

Analizzando i singoli microrganismi, *Campylobacter*, rotavirus A, Enteropathogenic *E. coli*, Enteroaggregative *E. coli* e Enterotoxigenic *E. coli*, hanno mostrato un incremento progressivo dal primo al terzo trimestre, seguito da una riduzione nel quarto trimestre. Invece, *Clostridium difficile* toxin A/B presenta un andamento crescente nei primi due trimestri dell'anno (78 e 79), per poi diminuire progressivamente negli ultimi due (66 e 58). Anche *Salmonella* presenta un andamento simile, con valori più omogenei nei periodi centrali dell'anno. Per norovirus GI/GII, invece, il maggior numero di positività si osserva nel primo trimestre.

Un andamento caratteristico si osserva per sapovirus, che mostra un picco nel primo trimestre dell'anno, seguito da una diminuzione nei periodi centrali e da un successivo aumento nell'ultimo trimestre.

Tabella 3. Relazione tra microrganismi e trimestri complessivi 2021 – 2026

	Trim1	Trim2	Trim3	Trim4	Totale complessivo
Adenovirus F 40/41	9	9	5	13	36
Astrovirus	3	3		4	10
<i>Campylobacter</i>	48	79	88	66	281
<i>Clostridium difficile</i> toxin A/B	78	79	66	58	281
<i>Cryptosporidium</i>	2	1	2		5
<i>E. Coli</i> O157		2	2		4
<i>Entamoeba histolytica</i>	1		2		3
Enteroaggregative <i>E. Coli</i>	15	20	27	20	82
Enteropathogenic <i>E. Coli</i>	46	49	88	55	238
Enterotoxigenic <i>E. Coli</i>	9	10	20	13	52
<i>Giardia lamblia</i>	6	9	6	10	31
Norovirus GI/GII	45	28	34	20	127
<i>Plesiomonas shigelloides</i>			2		2
Rotavirus A	10	12	27	6	55
<i>Salmonella</i>	17	26	30	21	94
Sapovirus	16	11	5	13	45
Shiga-like toxin-producing <i>E. Coli</i>	7	12	14	10	43
<i>Shigella</i> /Enteroinvasivo <i>E. Coli</i>	1	3	1	2	7
<i>Vibrio</i>		1	2	1	4
<i>Vibrio cholerae</i>			1	1	2
<i>Yersinia enterocolitica</i>	3	6	9	1	19
Totale complessivo	316	360	431	314	1421

I dati complessivi della frequenza dei microrganismi negli anni dello studio sono rappresentati nel Grafico 5.

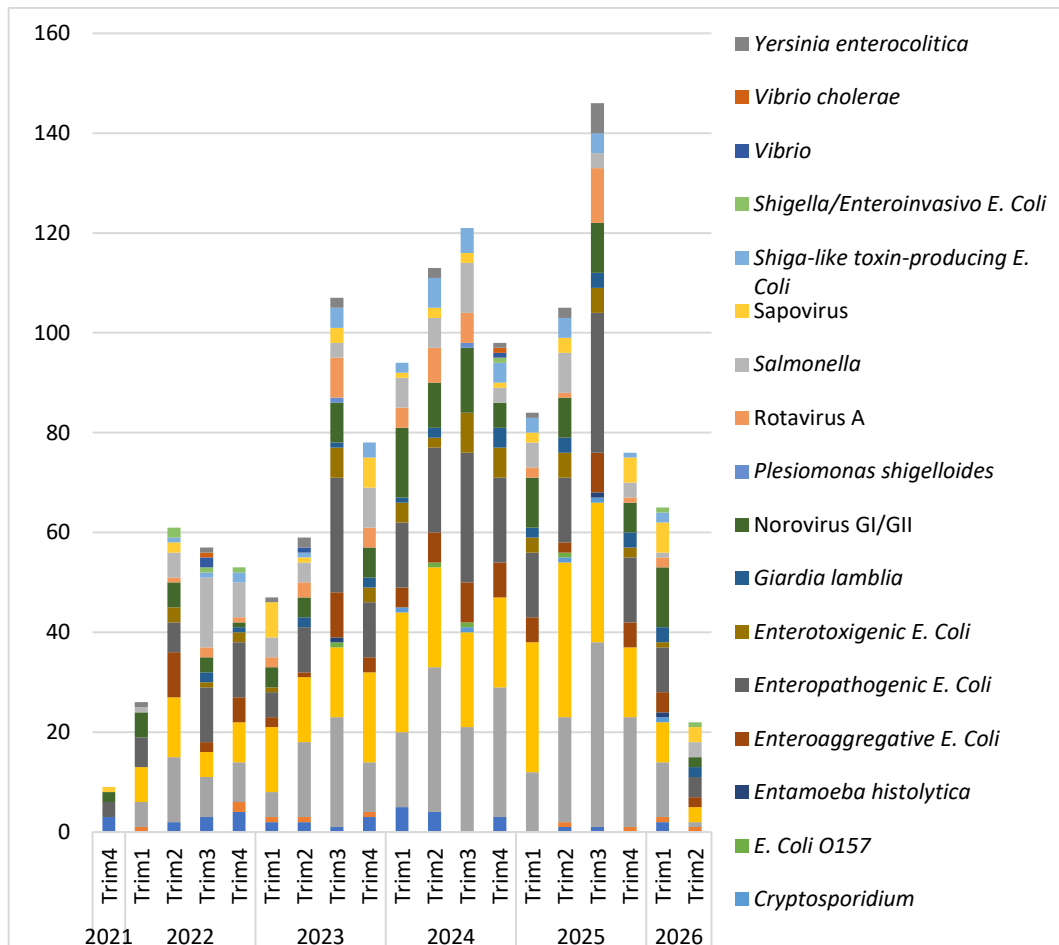


Grafico 5. Dati complessivi dei microrganismi negli anni dello studio

4.4.3. Coinfezioni

Per concludere l'analisi dei microrganismi, è stata valutata la presenza e la frequenza delle monoinfezioni e delle coinfezioni. Su un totale di 1069 campioni positivi, sono state identificate 788 monoinfezioni e 281 coinfezioni complessive. Di queste ultime, in 225 campioni è stata rilevata la presenza di 2 microrganismi, in 43 campioni di 3 microrganismi, in 12 campioni di 4 microrganismi e, in un solo campione la presenza di 6 microrganismi (Grafico 6).

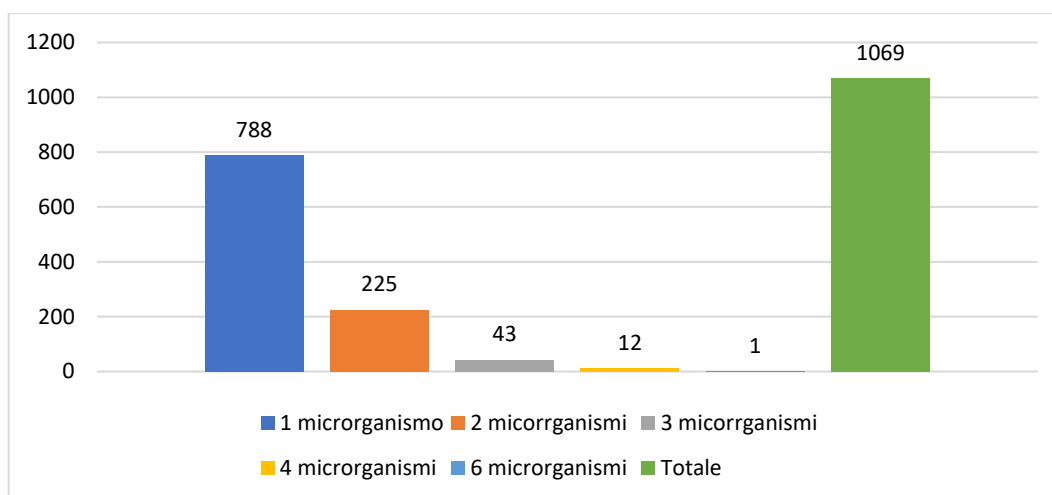


Grafico 6. Quadro complessivo di monoinfezioni e coinfezioni

Valutando nello specifico le coinfezioni che presentano 2 microrganismi (Tabella 4), l'associazione riscontrata con maggiore frequenza è stata quella che coinvolgeva *Campylobacter* e Enteropathogenic *E. coli* (42 casi), corrispondente a circa il 18,67% di questa categoria. Con una frequenza nettamente inferiore, a quest'associazione segue quella tra: *Salmonella* e Enteropathogenic *E. coli*, identificata in 16 campioni (7,11%); *Clostridium difficile* toxin A/B e Enteropathogenic *E. coli*, con una frequenza di 12 campioni (5,33); Enteropathogenic *E. coli* e norovirus GI/GII, in 11 campioni (4,89%).

Proseguendo con la valutazione, sono state riscontrate due associazioni che hanno presentato la medesima frequenza, pari a 9 campioni ciascuna: *Campylobacter* e Enteroaggregative *E. coli*, e *Clostridium difficile* toxin A/B e norovirus GI/GII. A queste seguono due associazioni, costituite rispettivamente da *Campylobacter* - *Clostridium difficile* toxin A/B e Enteroaggregative *E. coli* – Enteropathogenic *E. coli*, riscontrate in 8 campioni ciascuna, e due associazioni, *Campylobacter* – norovirus GI/GII e *Campylobacter* – Shiga-like toxin-producing *E. coli*, presenti in 7 campioni ciascuna.

Le restanti associazioni tra due microrganismi differenti presentano frequenze inferiori, comprese tra 1 e 6 casi.

Dall'analisi queste associazioni, emerge che ci sono microrganismi che instaurano più frequentemente delle coinfezioni. In ordine decrescente abbiamo: Enteropathogenic *E. coli*, identificato in 108 coinfezioni, che corrispondono al 45,38% del totale dei suoi rilevamenti; *Campylobacter* coinvolto in 89 coinfezioni (31,67%); *Clostridium difficile* toxin A/B in 46

coinfezioni (16,37%); Enteroaggregative *E. coli* in 32 coinfezioni (39,02%) e *Salmonella* in 27 coinfezioni (28,72%).

Tabella 4. Co-infezioni (2 microrganismi)

Microrganismo	Co-infezione	N
Adenovirus F 40/41	Norovirus GI/GII	1
	Rotavirus A	1
<i>Campylobacter</i>	Adenovirus F 40/41	1
	<i>Clostridium difficile</i> toxin A/B	8
	<i>Cryptosporidium</i>	1
	<i>Entamoeba histolytica</i>	1
	Enteroaggregative <i>E. coli</i>	9
	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	42
	Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	2
	Norovirus GI/GII	7
	<i>Plesiomonas shigelloides</i>	1
	Rotavirus A	3
	Sapovirus	4
	Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i>	7
	<i>Yersinia enterocolitica</i>	3
<i>C. difficile</i> toxin A/B	Adenovirus F 40/41	1
	Enteroaggregative <i>E. coli</i>	4
	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	12
	Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	1
	Norovirus GI/GII	9
	Rotavirus A	3
	<i>Salmonella</i>	2
	Sapovirus	1
	Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i>	4
	<i>Yersinia enterocolitica</i>	1
<i>Cryptosporidium</i>	Norovirus GI/GII	1
<i>Entamoeba histolytica</i>	Sapovirus	1
Enteroaggregative <i>E. coli</i>	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	8
	Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	2
	Norovirus GI/GII	3
	Rotavirus A	2
	Sapovirus	1
	Shiga-like toxin-producing	1
	<i>Shigella</i> /Enteroinvasive <i>E. coli</i>	1
Enteropathogenic <i>E. coli</i>	Adenovirus F 40/41	3
	Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	6
	<i>Giardia lamblia</i>	1
	Norovirus GI/GII	11
	Rotavirus A	6
	Sapovirus	1
Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i>	5
<i>Giardia lamblia</i>	Adenovirus F 40/41	1
	Norovirus GI/GII	2
Norovirus GI/GII	Rotavirus A	1
	Sapovirus	5

Microrganismo	Co-infezione	N
<i>Salmonella</i>	Adenovirus F 40/41	1
	Enteraggregative <i>E. coli</i>	1
	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	16
	Enterotossigenic <i>E. coli</i>	1
	Norovirus GI/GII	1
	Rotavirus A	2
	Sapovirus	2
	Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i>	1
Sapovirus	Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i>	2
<i>Vibrio</i>	<i>Vibrio cholerae</i>	1
<i>Yersinia enterocolitica</i>	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	2
	Norovirus GI/GII	3
	Enterotossigenic <i>E. coli</i>	1

Passando alla valutazione delle coinfezioni che presentano nello stesso campione positivo tre microrganismi (Tabella 5), a differenza di quelle precedente descritte, presentano una frequenza minore. L'associazione con frequenza maggiore riscontrata in 3 campioni su 43, è caratterizzata da *Campylobacter*, *Clostridium difficile* toxin A/B e Enteropathogenic *E. coli*, mentre tutte le altre presentano una frequenza che varia da 1 a 2 casi su 43.

Anche in questo caso, il microrganismo che instaura più coinfezioni è Enteropathogenic *E. coli* con 25 casi su 43, corrispondenti al 10,50% dei suoi rilevamenti totali. Proseguendo in ordine decrescente abbiamo: *Campylobacter* con 15 casi, Enteraggregative *E. coli* e Enterotossigenic *E. coli* con 12 casi ciascuno, e *Clostridium difficile* toxin A/B con 11 casi.

Tabella 5. Co-infezioni (3 microrganismi)

Microrganismo	Co-infezione 1	Co-infezione 2	N
Adenovirus F 40/41	Rotavirus A	Sapovirus	1
<i>Campylobacter</i>	<i>Clostridium difficile</i> toxin A/B	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	3
	Enteraggregative <i>E. coli</i>	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	1
	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	Enterotossigenic <i>E. coli</i>	1
		<i>Giardia lamblia</i>	1
		Norovirus GI/GII	1
		Sapovirus	2
		Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i>	1
	Enterotossigenic <i>E. coli</i>	Sapovirus	1
	Rotavirus	Sapovirus	1
	<i>Salmonella</i>	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	1
	Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i>	<i>E. coli</i> O157	1
	<i>Yersinia enterocolitica</i>	Enterotossigenic <i>E. coli</i>	1
		Norovirus GI/GII	1
<i>Clostridium difficile</i> toxin A/B	Enteraggregative <i>E. coli</i>	Adenovirus F 40/41	1
		Enteropathogenic <i>E. coli</i>	1
	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	Adenovirus F 40/41	1
		Norovirus GI/GII	2
		Rotavirus A	1
		Astrovirus	1
	<i>Giardia lamblia</i>	Norovirus GI/GII	1

Microrganismo	Co-infezione 1	Co-infezione 2	N
Enteroaggregative <i>E. Coli</i>	Enteropathogenic <i>E. Coli</i>	Adenovirus F 40/41	2
		Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	2
		<i>Shigella</i> /Enteroinvasive <i>E. coli</i>	1
	Enterotoxigenic <i>E. Coli</i>	Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i>	2
	<i>Giardia lamblia</i>	Rotavirus A	1
	<i>Shigella</i> /Enteroinvasive <i>E. Coli</i>	<i>Giardia lamblia</i>	1
Enteropathogenic <i>E. Coli</i>	Enterotoxigenic <i>E. Coli</i>	Norovirus GI/GII	1
Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i>	<i>E. coli</i> O157	2
<i>Salmonella</i>	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	1
		Sapovirus	1
	Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	Norovirus GI/GII	1
	Rotavirus A	Sapovirus	1
<i>Vibrio</i>	<i>Vibrio cholerae</i>	<i>Giardia lamblia</i>	1
<i>Yersinia enterocolitica</i>	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	Rotavirus A	1
		Sapovirus	1

Nel caso dell'associazione tra 4 microrganismi differenti (Tabella 6), è stata osservata una maggiore eterogeneità rispetto ai casi precedenti. Infatti, non emerge nessuna associazione con una frequenza maggiore, ma sono state tutte rilevate in un solo caso su 12. Nonostante ciò, anche per queste rilevazioni emergono dei microrganismi maggiormente coinvolti in queste infezioni: Enteropathogenic *E. coli* ed Enteroaggregative *E. coli* in 8 coinfezioni ciascuno; norovirus GI/GII in 7 casi e Enterotoxigenic *E. coli* in 6 casi.

Tabella 6. Co-infezioni (4 microrganismi)

Microrganismo	Co-infezione 1	Co-infezione 2	Co-infezione 3	N
<i>Campylobacter</i>	Enteroaggregative <i>E. coli</i>	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	Adenovirus F40/41	1
		Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	Norovirus GI/GII	1
			Shiga-like toxin-producing <i>E. coli</i>	1
<i>Clostridium difficile</i> toxin A/B	Astrovirus	Norovirus GI/GII	Sapovirus	1
	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	Norovirus GI/GII	1
Enteroaggregative <i>E. Coli</i>	Enteropathogenic <i>E. Coli</i>	Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	Rotavirus A	1
			<i>Shigella</i> /Enteroinvasive <i>E. coli</i>	1
		<i>Giardia lamblia</i>	Norovirus GI/GII	1
Enteropathogenic <i>E. Coli</i>	Adenovirus F 40/41	Norovirus GI/GII	Rotavirus A	1
<i>Plesiomonas shigelloides</i>	Enteroaggregative <i>E. coli</i>	Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	Norovirus GI/GII	1
<i>Salmonella</i>	Enteroaggregative <i>E. coli</i>	Enteropathogenic <i>E. coli</i>	Enterotoxigenic <i>E. coli</i>	1
<i>Salmonella</i>	<i>Giardia lamblia</i>	Norovirus GI/GII	Rotavirus A	1

Come accennato precedentemente, solamente un campione ha presentato una positività per 5 microrganismi differenti, che sono *Campylobacter*, Enteroaggregative *E. coli*, Enteropathogenic *E. coli*, Enterotoxigenic *E. coli*, Shiga-like toxin-producing *E. coli* e *E. coli* O157.

4.5. Sintomatologia

Per completare il quadro delle infezioni gastrointestinali, è stata visionata la cartella clinica dei pazienti positivi mediante il sistema operativo descritto precedentemente (paragrafo 3.3.), al fine di valutare la sintomatologia, che successivamente è stata messa in relazione ai microrganismi e alle fasce d'età.

Per 89 pazienti non è stato possibile effettuare tale valutazione a causa dell'assenza di informazioni nella cartella clinica.

4.5.1. Sintomatologia in relazione ai microrganismi

Per ogni tipologia di infezione sono stati valutati gli stessi sintomi ed è emerso che il disturbo più frequentemente riscontrato nelle infezioni batteriche è la diarrea, presente nell' 80,73% dei pazienti positivi (n=863), seguita dalla febbre, riscontrata nel 58,75% dei casi (n=628), e dal dolore addominale, identificato nel 53,98% dei soggetti (n=577). Altri sintomi frequentemente riportati sono stati il vomito (376), la diarrea con sangue (278), la nausea (184), la disidratazione (181), l'astenia (109), l'addome meteorico (100), la diarrea con muco (93) e l'inappetenza (91) (Tabella 7).

Analizzando la sintomatologia in relazione all'agente batterico, sono state osservate differenze nella distribuzione e numerosità dei sintomi.

Campylobacter, *Clostridium difficile* toxin A/B, Enteroaggregative *E. coli*, Enteropathogenic *E. coli* ed Enterotoxigenic *E. coli* sono i microrganismi che presentano la sintomatologia più varia e più severa. In relazione alla severità dei sintomi, in tutti i casi, anche se con percentuali differenti, sono presenti sintomi quali diarrea con sangue e muco, disidratazione, calo ponderale, melena, rettorragia e pre-sincope/sincope. Nel caso specifico di *Campylobacter*, Enteroaggregative *E. coli* ed Enteropathogenic *E. coli* sono presenti anche ipotensione, convulsioni febbrili ed episodio lipotimico.

Per quanto riguarda la febbre, nei casi in cui il dato era disponibile nella cartella clinica, è stata valutata anche la temperatura corporea suddividendola in quattro intervalli: 37,5 – 37,9; 38 – 38,9; 39 – 39,9; ≥ 40 . Nei casi in cui la temperatura corporea rientrava nel range 37,5 – 37,9 il microrganismo più frequentemente rilevato è risultato essere *Clostridium difficile* toxin A/B. Nei range 38 – 38,9 e 39 – 39,9 i microrganismi maggiormente identificati sono risultati *Campylobacter*, *Clostridium difficile* toxin A/B, Enteropathogenic *E. coli* e

Salmonella. Per le temperature ≥ 40 , è emerso che *Campylobacter* presenta una frequenza nettamente maggiore rispetto agli altri tipi di infezioni batteriche. In tutti questi casi, è stata fatta una valutazione complessiva del microrganismo, senza distinguere le monoinfezione dalle coinfezione.

Tabella 7. Sintomi associati alle infezioni batteriche

	<i>Campylobacter</i>	<i>C. difficile</i> toxin A/B	Enterocaggregative <i>E. Coli</i>	Enteropathogenic <i>E. Coli</i>	Enterotoxigenic <i>E. Coli</i>	<i>E. Coli</i> O157	<i>Plesiomonas shigelloides</i>	<i>Salmonella</i>	Shiga-like toxin-producing <i>E. Coli</i>	<i>Shigella</i> /Enteroinvasive <i>E. Coli</i>	<i>Vibrio</i>	<i>Vibrio cholerae</i>	<i>Yersinia enterocolitica</i>	Totale complessivo
Diarrea	244	205	59	174	38	2	1	83	32	6	4	2	13	863
Febbre	193	126	39	126	25	2	2	80	24	5			6	628
Dolore addominale	176	112	37	121	31	3	1	59	20	2	1	1	13	577
Vomito	82	72	30	93	19	2	1	47	18	2	3	2	5	376
Diarrea con sangue	103	25	16	54	11	1	1	46	14	2			5	278
Nausea	54	37	13	46	10	2		11	8	1	1		1	184
Disidratazione	41	52	6	35	8		1	24	8	2			4	181
Astenia	33	23	6	25	3			9	5	1	1		3	109
Addome meteorico	27	21	5	22	4	1		8	9				3	100
Diarrea con muco	27	15	2	22	3	1		13	6	1			3	93
Inappetenza	23	20	3	26	6	1		8	4					91
Rettorragia	6	6	3	8	4			2	3					32
Calo ponderale	3	9	3	7	2			1	2	1			1	29
Pre-sincope/sincope	2	4	1	6	1						1			15
Malessere generalizzato	4	2	1	5	1									13
Melena	2	4	1	2	1			1	1					12
Feci semi e formate		7	1	3										11
Ipotensione	2	6		2				1						11
Addome globoso		3		2										5
Convulsioni febbrili	1		1	2										4
Episodio lipotimico	1		1					1	1					4

La medesima valutazione è stata effettuata anche per i virus, considerando gli stessi sintomi già descritti precedentemente. Come si può notare dalla Tabella 8, anche in questo caso il sintomo che presenta una frequenza maggiore è la diarrea (203), seguito però dal vomito (152), dalla febbre (123), dal dolore addominale (108) e dalla disidratazione (65).

Anche in questo caso sono state valutate la varietà e la severità della sintomatologia. In relazione alla varietà, emerge che astrovirus è il virus che presenta la minore eterogeneità dei disturbi, mentre norovirus GI/GII è caratterizzato da uno spettro più ampio di sintomi. Anche per il parametro della severità, il microrganismo che prevale è il norovirus GI/GII, seguito poi da rotavirus A e sapovirus, anche se è emerso che il microrganismo maggiormente associato a una febbre elevata (≥ 40) è sapovirus, seguito poi da norovirus GI/GII, che risulta prevalente per una temperatura corporea compresa nel range 39 – 39,9.

Tabella 8. Sintomi associati alle infezioni virali

	Adenovirus F 40/41	Astrovirus	Norovirus GI/GII	Rotavirus A	Sapovirus	Totale complessivo
Diarrea	25	7	100	42	29	203
Vomito	19	7	71	34	21	152
Febbre	14	5	51	31	22	123
Dolore addominale	16	4	48	21	19	108
Disidratazione	11	3	23	16	12	65
Nausea	3	2	21	12	7	45
Diarrea con sangue	3	1	14	10	9	37
Addome meteorico	5		13	10	7	35
Astenia			15	4	7	26
Inappetenza	2		8	5	4	19
Diarrea con muco	2		6	7	2	17
Calo ponderale			6			6
Episodio lipotimico			4	1	1	6
Ipotensione			3			3
Pre sincope o sincope			2		1	3
Feci formate/semiformate	1		1			2
Addome globoso				1		1
Convulsioni febbrili			1			1
Melena				1		1

Per quanto riguarda le infezioni parassitarie, la varietà dei sintomi è nettamente inferiore rispetto ai microrganismi trattati precedentemente, e presentano una prevalenza di diarrea, dolore addominale, febbre, diarrea con sangue e vomito (Tabella 9).

Tabella 9. Sintomi associati alle infezioni parassitarie

	<i>Cryptosporidium</i>	<i>Entamoeba histolytica</i>	<i>Giardia lamblia</i>	<i>Totale complessivo</i>
Diarrea	4	1	19	24
Dolore addominale	4		19	23
Febbre	3		15	18
Diarrea con sangue	1	1	8	10
Vomito	1		9	10
Rettorragia	1	1	6	8
Calo ponderale			6	6
Nausea	1		5	6
Astenia			5	5
Disidratazione			5	5
Diarrea con muco		1	2	3
Convulsioni febbrili			1	1
Inappetenza			1	1
Pre-sincope/sincope	1			1

4.5.2. Sintomi rapportati alle diverse fasce d'età

Per poter avere una visione completa sulla sintomatologia che si presenta nelle infezioni gastrointestinali, i disturbi sono stati rapportati alle diverse fasce d'età dei pazienti positivi (Tabella 10). Nel complesso, la distribuzione dei sintomi è risultata essere piuttosto omogenea tra le diverse fasce d'età, pur presentando alcune piccole variazioni. Ciò che risulta evidente è che solo nella fascia d'età 0 – 4 anni sono state registrate convulsioni febbrili, mentre sintomi come astenia e nausea si manifestano con meno frequenza rispetto alle altre fasce d'età. Un altro dato che emerge in modo evidente è che nella fascia d'età 85 – 99 anni è stata identificata una frequenza minore di casi di diarrea con sangue e muco, che invece risultano avere una buona frequenza nelle altre fasce.

Tabella 10. Sintomi associati alle diverse fasce d'età

	0 - 4	5 - 14	15 - 64	65 - 84	85 - 99	Totale complessivo
Diarrea	149	156	223	209	78	815
Febbre	119	123	174	113	38	567
Dolore addominale	51	124	175	133	50	533
Vomito	81	99	111	63	25	379
Diarrea con sangue	78	83	41	23	5	230
Disidratazione	38	47	35	44	24	188
Nausea	1	23	88	48	14	174
Astenia	7	12	28	45	7	99
Addome meteorico	40	22	6	11	11	90
Diarrea con muco	34	21	12	12	3	82
Inappetenza	19	17	18	21	5	80
Rettorragia	6	1	12	11	4	34
Calo ponderale	8	3	12	6	1	30
Pre-sincope/sincope		1	4	8	3	16
Ipotensione			3	4	5	12
Melena	5		1	4	2	12
Feci semi e formate	1	1	3	3	3	11
Malesse generalizzato			3	5	2	10
Episodio lipotimico		2	2	4		8
Addome globoso	1			2	2	5
Convulsioni febbrili	5					5

5. DISCUSSIONE

Nel presente studio sono state analizzate le caratteristiche epidemiologiche delle infezioni gastrointestinali identificate nella popolazione mediante FilmArray Gastrointestinal Panel, con l'obiettivo di descriverne la distribuzione e le principali caratteristiche epidemiologiche. A tale scopo, sono stati valutati i campioni analizzati nel periodo compreso tra dicembre 2021 e aprile 2026: dei 2401 campioni complessivamente esaminati, 1069 sono risultati positivi per almeno un microrganismo, corrispondenti a un tasso di positività complessivo pari al 44,5%.

L'analisi delle caratteristiche demografiche della popolazione rappresenta un primo elemento di interesse per l'interpretazione dei dati ottenuti.

I dati raccolti mostrano una prevalenza numerica della popolazione che rientra nella fascia d'età 15-64. Tuttavia, andando a considerare gli anni presenti per ogni fascia d'età, emerge che la frequenza media per la fascia d'età precedentemente citata è di circa 6 casi per anno di età, mentre quella più elevata si riscontra nella fascia d'età 0 – 4 (circa 41,2 casi per anno di età), dato che concorda con quanto affermato nello studio di Liu e collaboratori (Liu et al., 2023). Proseguendo con la caratterizzazione demografica della popolazione, i dati raccolti nel presente studio identificano una prevalenza complessiva del sesso maschile, che supera di 18,24 punti percentuale il sesso femminile. Sebbene il dato complessivo dei sessi rifletta una maggiore presenza dei pazienti di sesso maschile, valutando questo dato in relazione alle diverse fasce d'età emerge che, nei pazienti di età compresa tra 85 e 99 anni di età, sono presenti più soggetti di sesso femminile. Questo dato potrebbe essere spiegato dal fatto che, come riportato dall'Istat nel rapporto *Indicatori demografici – Anno 2025*, la speranza di vita risulta maggiore per la popolazione femminile (85,7) rispetto a quella maschile (81,7).

Un ulteriore aspetto preso in esame ha riguardato l'andamento delle positività nei mesi e negli anni dello studio, al fine di identificare la presenza di una maggiore frequenza in specifici periodi dell'anno, configurando quindi una possibile stagionalità per queste infezioni.

Nel corso del periodo di studio è emerso un progressivo incremento del numero di campioni positivi. A partire dai 150 campioni positivi registrati nel 2022, si è osservato un aumento a 195 nel 2023, seguito da una crescita più marcata nel 2024, quando sono stati rilevati complessivamente 302 campioni positivi, pari a un incremento del 54,9% rispetto all'anno

precedente. Tale andamento si è ulteriormente consolidato nel 2025, anno in cui sono stati registrati 320 campioni positivi, rappresentando il valore più elevato dell'intero periodo analizzato. L'aumento complessivo dei casi di positività osservato potrebbe essere riconducibile al progressivo aumento della richiesta e dell'impiego dei test molecolari, in linea con quanto riportato da Ruzante et al. (2021).

Passando all'analisi della distribuzione mensile è risultata evidente una variabilità intra-annuale, evidenziando un maggior numero di positività nei mesi primaverili ed estivi rispetto al periodo invernale, dato che trova riscontro con quanto riportato in letteratura. Nel 2015, Van Cauteren e collaboratori (Van Cauteren et al., 2025) hanno evidenziato una maggiore frequenza di richieste di campioni fecali durante il periodo estivo, mentre Liu et al. nel 2023, hanno osservato una maggiore incidenza di gastroenterite acuta nei mesi primaverili ed estivi, definendola in linea con le normali aspettative, cioè un'alta incidenza in estate e una bassa in inverno (Liu et al., 2023). Tale andamento risulta meno evidente nel periodo 2021–2022, caratterizzato da valori pressoché omogenei durante tutto l'anno, con un graduale incremento a partire dai mesi invernali fino ad arrivare ad un primo picco nel mese di maggio, seguito poi dal picco massimo ad agosto. Nell'anno 2023 la distribuzione mensile appare meno uniforme e presenta due picchi isolati a settembre e dicembre, identificando in parte un andamento diverso rispetto a quello generale. Nel 2024, invece, la frequenza dei risultati positivi risulta avere un andamento diametralmente opposto a quello dell'anno precedente, configurando una distribuzione elevata già nei primi mesi dell'anno, con un massimo ad agosto. L'anno 2025 conferma la distribuzione generale presentando valori più contenuti nei mesi invernali ed un incremento nel periodo primaverile-estivo, con i valori più elevati registrati nei mesi di maggio, luglio, agosto e settembre. Nel complesso, questi risultati suggeriscono una possibile componente stagionale nella distribuzione delle positività, caratterizzata da una maggiore frequenza durante i mesi più caldi, mentre la presenza di variazioni tra i picchi di maggiore incidenza indica una possibile influenza da parte di altri fattori, come ad esempio variazioni nella numerosità dei campioni analizzati.

L'analisi delle caratteristiche demografiche e dell'andamento temporale delle positività ha permesso di delineare il quadro generale dei casi osservati nel periodo di studio. Al fine di approfondire ulteriormente la distribuzione delle positività, è stata successivamente analizzata la composizione microbiologica dei campioni, con particolare attenzione alla frequenza dei diversi microrganismi identificati e alla loro distribuzione in relazione alle principali variabili considerate.

Per quanto riguarda la frequenza e il tipo di microrganismo identificato, i risultati del presente studio sono parzialmente sovrapponibili con uno studio del 2023 condotto da Carmon et al. (2023). In particolare, si osserva una sovrapposizione per quanto riguarda *Campylobacter* tra gli agenti batterici e *Giardia lamblia* tra quelli parassitari, che rappresentano anche nel presente studio i microrganismi maggiormente riscontrati nelle rispettive categorie. Al contrario, analizzando la restante parte dei batteri, *Salmonella* ed Enteraggregative *E. coli* nel precedente studio risultano essere rispettivamente il secondo e terzo microrganismo come frequenza di isolamento, mentre nel presente studio risultano essere quarto e quinto. *Clostridium difficile* toxin A/B e Enteropathogenic *E. coli* invece, sono tra i tre batteri maggiormente riscontrati nel presente studio.

In riferimento ai virus i dati non sono sovrapponibili con quanto riportato in letteratura nel precedente studio, in quanto quelli maggiormente riscontrati sono stati rotavirus A e sapovirus (Carmon et al., 2023). Nel presente studio, infatti, prevale l'isolamento di norovirus GI/GII, seguito poi da rotavirus A e sapovirus, andamento che potrebbe essere giustificato dall'introduzione del vaccino per rotavirus A. La discrepanza tra i due studi potrebbe essere spiegata in parte da differenze nelle caratteristiche e numerosità della popolazione studiata.

Passando alla valutazione della distribuzione dei patogeni per fasce d'età, emerge un'elevata e significativa concordanza tra i dati del presente studio e la letteratura scientifica.

In linea con quanto riportato in letteratura in diversi studi, l'infezione da *Clostridium difficile* toxin A/B rappresenta la causa principale di gastroenterite batterica nella popolazione anziana, con quasi il 60% dei casi totali di *Clostridium difficile* toxin A/B concentrata in individui di età pari o superiore a 65 anni (Fletcher et al., 2015; Spina et al., 2015; Lee et al., 2025). Al contrario, il carico di patogeni virali, in particolare rotavirus A, adenovirus F 40/41 e sapovirus, è nettamente sbilanciato verso la prima infanzia, presentando percentuali più elevate nei bambini da 0 a 4 anni, con una graduale diminuzione con l'avanzare dell'età. Questa affermazione risulta parzialmente in accordo con quanto riportato nello studio di Fletcher et al. (2015), dato che identifica rotavirus A, norovirus GI/GII e adenovirus F 40/41 come patogeni più frequentemente rilevati nella fascia d'età appena descritta, mentre in questo studio norovirus GI/GII presenta una maggiore concentrazione di isolamento nella fascia d'età 15 – 64.

Ritornando alla valutazione dei batteri, *Salmonella* e *Campylobacter* rappresentano microrganismi comuni a tutte le età, ma *Salmonella* ha mostrato un picco del 43,62% nella fascia 5-14 anni, coerentemente con la letteratura.

Tali associazioni potrebbero essere riconducibili ai cambiamenti fisiologici e immunologici che si verificano nel corso della vita, i quali possono influenzare la composizione e l'abbondanza relativa del microbiota, determinando una diversa distribuzione dei microrganismi nelle varie fasce d'età.

Proseguendo con la valutazione dei microrganismi, nel presente studio è stata valutata la loro variabilità nella distribuzione trimestrale. Complessivamente, il numero maggiore è stato registrato nel terzo trimestre (431), mentre il primo e il quarto hanno mostrato valori pressoché sovrapponibili.

Tra i patogeni batterici, *Campylobacter*, *Salmonella* ed Enteropathogenic *E. coli* hanno raggiunto, con un incremento differente, la maggiore frequenza di isolamento nel terzo trimestre. In particolare, *Campylobacter* è passato da 48 rilevamenti nel primo trimestre a 88 nel terzo, *Salmonella* da 17 a 30 rilevamenti, ed Enteropathogenic *E. coli* ha mostrato un incremento caratteristico, raggiungendo un picco di 88 rilevamenti nel terzo trimestre. Questo andamento risulta complessivamente coerente con quanto riportato nello studio di Ruzante e collaboratori (Ruzante et al., 2021), e nel complesso, questi risultati suggeriscono che diversi patogeni batterici presentino una maggiore frequenza nel periodo estivo.

Un andamento differente è stato osservato per i patogeni virali. Norovirus GI/GII ha presentato il maggior numero di rilevamenti nel primo trimestre (45), con una progressiva riduzione nei trimestri successivi. Tale distribuzione risulta compatibile con quanto riportato recentemente in uno studio condotta da Gampene et al. (2026), in cui è stata osservata una predominanza delle infezioni virali durante la stagione secca e relativamente fresca, con un picco delle diarree virali tra dicembre e marzo. Al contrario, rotavirus A ha raggiunto il proprio picco nel terzo trimestre (27 rilevamenti), andando in contrasto con quanto affermato dallo studio precedentemente citato.

Per quanto riguarda i parassiti, il numero limitato di rilevamenti non consente di evidenziare una chiara distribuzione stagionale. In particolare, *Giardia lamblia* ha mostrato una distribuzione pressoché omogenea durante tutto l'anno, con un lieve aumento nell'ultimo trimestre, dato in disaccordo con quanto descritto in uno studio del 2018, in cui gli autori

affermano che tale parassita presenta un'incidenza maggiore durante i mesi primaverili ed estivi (Valenzuela et al., 2018).

Nel complesso, l'andamento osservato suggerisce una possibile influenza della stagionalità sulla circolazione dei patogeni gastrointestinali, con una maggiore presenza di diversi batteri durante il periodo estivo e di alcuni virus nei mesi più freddi. Tuttavia, la presenza di alcune differenze suggerisce che la distribuzione stagionale delle infezioni.

Per concludere gli aspetti inerenti ai microrganismi che causano le infezioni gastrointestinali, è stata osservata la presenza di coinfezione e la ricorrenza di alcuni di essi ad instaurarle.

Partendo da una visione complessiva, nel 73,7% dei casi sono state osservate monoinfezioni, seguite poi da un 21% di infezioni caratterizzate da due microrganismi, 4% con tre microrganismi, 1,1% con quattro microrganismi, per poi arrivare al numero massimo di microrganismi coinvolti che è stato sei, identificato in un solo caso. Questa divisione percentuale risulta in gran parte in linea con quanto riportato da Lee et al. (2025), ad eccezione della coinfezione con sei microrganismi diversi, che non è stata riscontrata nello studio. Tale osservazione nel presente studio rappresenta lo 0,094% del totale e appare come una discrepanza puntuale, piuttosto che come differenza sostanziale nella distribuzione delle coinfezioni. Per questo motivo, la discordanza del singolo punto potrebbe essere dovuta a differenze nelle caratteristiche dei campioni o nei criteri di identificazione.

Analizzando nel dettaglio le tipologie di microrganismi maggiormente coinvolti nelle coinfezioni, i risultati del presente studio mostrano una distribuzione differente rispetto a quella riportata nello studio precedentemente citato. Nello studio, il microrganismo più frequentemente identificato nelle coinfezioni è risultato essere *Clostridium difficile*, seguito da Enteropathogenic *E. coli*, *Salmonella*, norovirus GI/GII ed Enteroaggregative *E. coli*, mentre *Campylobacter* è risultato il microrganismo meno frequentemente identificato. Successivamente, gli autori hanno valutato il tasso di coinfezione per ciascun microrganismo, rilevando il valore più elevato per Enteropathogenic *E. coli* e quello più basso per *Campylobacter* (Lee et al., 2025).

Nel presente studio, considerando i microrganismi maggiormente rilevati nelle coinfezioni, la distribuzione è risultata differente rispetto a quella descritta da Lee M. J. et al., 2025. In ordine decrescente di frequenza di rilevamento, i microrganismi maggiormente identificati sono risultati Enteropathogenic *E. coli*, *Campylobacter*, *Clostridium difficile* toxin A/B, norovirus GI/GII, Enteroaggregative *E. coli*, Enterotoxigenic *E. coli* e *Salmonella*. Per

ciascuno di questi microrganismi è stato calcolato il tasso di coinfezione, definito come il rapporto del rilevamento del singolo microrganismo nelle coinfezioni per il suo totale di rilevamento, identificando un 59,66% per Enteropathogenic *E. coli*, 38,4% per *Campylobacter*, 20,99% per *Clostridium difficile* toxin A/B, 45,67% per norovirus GI/GII, 64,63% per Enteroaggregative *E. coli*, 71,15% per Enterotoxigenic *E. coli* e 36,17% per *Salmonella*. Tale approccio consente di distinguere la frequenza con cui un microrganismo viene rilevato dalla sua frequenza di coinvolgimento in episodi di coinfezione.

Per concludere il tema delle coinfezioni, è emersa un'associazione che si riscontra con maggiore frequenza rispetto a tutte le altre, ed è quella tra *Campylobacter* ed Enteropathogenic *E. coli*, identificata in 42 campioni positivi, identificando il 14,95% del totale delle coinfezioni.

Un ultimo aspetto visionato per poter completare il quadro epidemiologico delle infezioni gastrointestinali è stato valutare se ci fosse una sintomatologia tipica per i microrganismi e per le varie fasce d'età. Per questa valutazione sono state valutate le cartelle cliniche di tutti i 1069 pazienti risultati positivi e nell'8,33% dei casi non è stato possibile effettuare la valutazione a causa dell'assenza di informazioni.

L'analisi della sintomatologia ha evidenziato nel complesso una predominanza di diarrea, febbre, dolore addominale e vomito.

Tra le infezioni batteriche, la diarrea rappresentava la manifestazione più frequente (863 casi), seguita da febbre (628), dolore addominale (577) e vomito (376). La diarrea con sangue era presente in 278 casi, mentre la disidratazione è stata osservata in 181 casi. *Campylobacter* rappresenta il microrganismo più in linea con questa sintomatologia generale, presentando 244 casi di diarrea, 193 di febbre, 176 di dolore addominale, 103 di diarrea con sangue e 82 casi di vomito. Questi risultati risultano pressoché in linea con quanto riportato in letteratura dove, diversi studi indicano *Campylobacter* come uno dei microrganismi maggiormente responsabili di dissenteria, febbre e dolore addominale (Fletcher et al., 2013; Valenzuela et al., 2018; Tay et al., 2025).

Un quadro analogo, e sempre concordante con quanto descritto negli studi precedentemente citati, emerge per *Salmonella*, associata nella presente casistica a 83 casi di diarrea, 80 di febbre, 59 di dolore addominale, 47 di vomito e 46 di diarrea con sangue.

Anche le infezioni da *Shigella*/Enteroinvasive *E. coli* e Shiga-like toxin-producing *E. coli* presentavano manifestazioni compatibili con un quadro diarroico potenzialmente emorragico. In particolare, nei casi associati a *Shigella*/Enteroinvasive *E. coli* erano presenti diarrea, febbre, dolore addominale e diarrea con sangue, riportata in 2 casi, e per gli Shiga-like toxin-producing *E. coli* erano invece presenti 32 casi di diarrea e 14 di diarrea con sangue. Tale osservazione è coerente con lo studio condotto da Fletcher et al. (2013), secondo cui la diarrea emorragica acuta o la dissenteria è associata a *Shigella* e ai patotipi enteroemorragici di *E. coli*.

Per quanto riguarda le infezioni virali, i sintomi più frequentemente osservati erano diarrea (203 casi), vomito (152), febbre (123) e dolore addominale (108). La frequenza del vomito risulta coerente con la letteratura; infatti, secondo uno studio condotto nel 2015 questo sintomo era una manifestazione frequente nei soggetti infetti da norovirus GI/GII, Rotavirus A e Adenovirus F 40/41 (Fletcher et al., 2015). Confrontando questo stesso quadro sintomatologico con lo studio di Posovszky et al. (2020), emergono delle differenze relative all'infezione da norovirus GI/GII, poiché descrivono le infezioni da norovirus GI/GII come caratterizzate da vomito intenso, talvolta anche in assenza di diarrea, mentre nel presente studio il vomito era frequentemente associato anche alla diarrea.

Il Rotavirus A era associato a 42 casi di diarrea, 34 di vomito e 31 di febbre, con 16 casi di disidratazione. Quest'ultimo dato risulta di particolare interesse, poiché diversi studi scientifici hanno riportato il rotavirus A, soprattutto nei bambini piccoli, come causa di gastroenterite caratterizzata da febbre elevata, disidratazione e alterazioni elettrolitiche (Valenzuela et al., 2018 Posovszky et al., 2020). Per adenovirus F 40/41 e sapovirus si osservava analogamente una predominanza di diarrea, vomito, febbre e dolore addominale.

Infine, le infezioni parassitarie erano caratterizzate da una varietà sintomatologica nettamente inferiore rispetto agli altri gruppi, caratterizzate principalmente da diarrea e dolore addominale, soprattutto nei casi associati a *Giardia lamblia* (19 casi per entrambi i sintomi), seguiti da febbre (15), vomito (9) e, in 6 casi, da calo ponderale. Tuttavia, dato l'isolamento meno frequente rispetto agli altri gruppi, risulta difficile delineare con più precisione l'associazione della sintomatologia ai vari parassiti.

Facendo una valutazione complessiva di quanto osservato, risulta evidente e concordante con la letteratura scientifica che una maggiore presenza di febbre, dolore addominale e diarrea ematica è associata alle infezioni batteriche, mentre quelle virale presentano più

frequentemente nausea e vomito. Tuttavia, la presenza di vomito anche nei casi batterici osservati nel presente studio, evidenzia come la sintomatologia possa essere in parte sovrapponibile, probabilmente legata alla presenza di coinfezioni di agenti patogeni appartenenti ai diversi gruppi presi in esame.

Come accennato precedentemente, è stato valutato e confrontato il quadro clinico anche con le diverse fasce d'età, in cui sono emerse alcune differenze nella distribuzione dei sintomi.

Nei bambini di 0–4 anni erano frequenti diarrea (149 casi), febbre (119), vomito (81) e diarrea con sangue (78), mentre in tutte le altre fasce d'età risultavano maggiormente rappresentati diarrea, dolore addominale e febbre. La sintomatologia della fascia d'età 0 – 4 anni, nella quale, a differenza delle altre, è stata osservata una maggiore frequenza del vomito, risultato coerente con quanto riportato in uno studio del 2015, in cui gli autori hanno osservato frequentemente, nei bambini di età inferiore ai 5 anni, diarrea, vomito e febbre (Fletcher et al., 2015).

Un ulteriore elemento di interesse emerso riguarda la presenza di manifestazioni cliniche meno frequenti, ma di maggiore rilevanza clinica. In particolare, le convulsioni febbrili sono state osservate esclusivamente nei soggetti di età compresa tra 0 e 4 anni, con 5 episodi complessivamente registrati, mentre gli episodi di pre-sincope e sincope si sono manifestati nelle restanti fasce d'età, per un totale di 16 casi. Anche altri eventi potenzialmente indicativi di una maggiore compromissione delle condizioni generali, quali disidratazione e ipotensione, sono stati rilevati nella popolazione studiata. La disidratazione è risultata presente in tutte le fasce d'età, con una frequenza particolarmente rilevante nei pazienti pediatrici e nei soggetti più anziani, dato che risulta coerente con quanto descritto nello studio condotto da Fletcher e collaboratori (Fletcher et al., 2013).

Facendo un punto generale sulla distribuzione per età delle manifestazioni cliniche emerge che, accanto ai sintomi gastrointestinali più comuni, possano comparire, anche se con minor frequenza, manifestazioni di notevole rilevanza clinica, soprattutto nei bambini più piccoli.

Nel complesso, i risultati ottenuti mostrano una sostanziale concordanza con quanto riportato in letteratura. Tuttavia, nonostante siano emerse alcune tendenze nella distribuzione delle manifestazioni cliniche in relazione ai diversi patogeni, la sovrapposizione dei quadri sintomatologici evidenzia come la sola valutazione clinica non sia sufficiente a distinguere in maniera definitiva l'eziologia della gastroenterite. La presentazione clinica può infatti essere influenzata da diverse caratteristiche del paziente, tra cui l'età, lo stato immunitario e

la presenza di comorbidità, oltre che dalle caratteristiche del patogeno responsabile. Pertanto, l'integrazione tra quadro clinico e identificazione microbiologica risulta fondamentale per una più accurata caratterizzazione eziologica delle infezioni gastrointestinali.

6. CONCLUSIONE

Il presente studio ha permesso di caratterizzare le infezioni gastrointestinali nella popolazione analizzata attraverso l'identificazione dei principali patogeni mediante FilmArray e la valutazione delle manifestazioni cliniche associate. I pazienti positivi valutati erano 1069, caratterizzati da una maggioranza maschile e con un'età media di $40,0 \pm 32,9$ anni, con una mediana di 36,5 anni e un range compreso tra 0 e 99 anni. La fascia d'età maggiormente identificata è stata 15 – 64 anni, ma la frequenza media più elevata è stata riscontrata nei soggetti con età compresa tra 0 e 4 anni.

L'analisi temporale ha evidenziato un chiaro incremento del numero di casi nei diversi anni dello studio ed una tendenza stagionale, con una maggiore frequenza di positività nei periodi più caldi (primavera – estate).

Dal punto di vista eziologico, le infezioni batteriche hanno rappresentato la componente predominante, seguite dalle infezioni virali e, in misura minore, da quelle parassitarie. *Campylobacter*, *Clostridium difficile* toxin A/B ed Enteropathogenic *E. coli* sono risultati, sia nel gruppo dei batteri che sul totale, i patogeni maggiormente identificati, mentre norovirus GI/GII e *Giardia lamblia* sono i microrganismi maggiormente isolati nei rispettivi gruppi.

La distribuzione dei patogeni nelle diverse fasce d'età ha evidenziato differenze nella frequenza di rilevamento. *Salmonella* è stata identificata maggiormente nelle fasce d'età più giovani, con un picco nella fascia d'età 5 – 14 anni, mentre *Clostridium difficile* toxin A/B presenta una distribuzione orientata verso l'età adulta. Al contrario, *Campylobacter* ha presentato una distribuzione più omogenea tra le diverse fasce d'età. Nel caso dei patogeni virali, adenovirus F40/41, rotavirus A, sapovirus e astrovirus sono maggiormente riscontrati in giovane età, mentre norovirus GI/GII rappresenta l'unica eccezione, data la presenza più marcata nei soggetti di età compresa tra 15 – 64 anni. Per quanto riguarda i parassiti, *Giardia lamblia* ha presentato una maggiore incidenza nell'età adulta.

L'analisi della distribuzione dei principali patogeni ha evidenziato una variabilità nella loro frequenza di rilevamento. *Campylobacter*, Rotavirus A, Enteropathogenic *E. coli*, Enteroaggregative *E. coli* ed Enterotoxigenic *E. coli* hanno evidenziando un incremento progressivo dal primo al terzo trimestre. Norovirus GI/GII ha presentato il maggior numero di rilevazioni nel primo trimestre, mentre sapovirus ha evidenziato due picchi, rispettivamente nel primo e nell'ultimo trimestre. In relazione ai parassiti, *Giardia lamblia*

ha mostrato una distribuzione pressoché omogenea nel corso dell'anno, mentre per gli altri parassiti, il numero limitato di rilevamenti non consente di evidenziare un chiaro andamento stagionale.

Lo studio ha inoltre evidenziato la presenza sia di infezioni sostenute da un singolo microrganismo sia di coinfezioni, nelle quali sono stati rilevati fino a sei differenti patogeni contemporaneamente. I microrganismi più frequentemente coinvolti nelle coinfezioni sono stati Enteropathogenic *E. coli*, *Campylobacter*, *Clostridium difficile* toxin A/B, norovirus GI/GII, Enteroaggregative *E. coli*, Enterotoxigenic *E. coli* e *Salmonella*, e l'associazione registrata con maggiore frequenza è stata quella tra *Campylobacter* ed Enteropathogenic *E. coli*.

L'analisi delle manifestazioni cliniche ha infine permesso di mettere in relazione la sintomatologia osservata con l'agente eziologico e la fascia d'età dei pazienti. La diarrea ha rappresentato la manifestazione predominante nell'intera popolazione studiata. Le infezioni batteriche sono state più frequentemente accompagnate da febbre, dolore addominale e diarrea con sangue, mentre nelle infezioni virali il vomito è risultato maggiormente rappresentato, soprattutto nei pazienti in età pediatrica. Le infezioni parassitarie, meno frequentemente riscontrate, hanno mostrato prevalentemente un quadro caratterizzato da diarrea e dolore addominale. Sono stati inoltre rilevate, anche se con una frequenza nettamente inferiore, sintomi indicativi di una maggiore compromissione delle condizioni generali come convulsioni febbrili, episodi di pre-sincope e sincope, disidratazione e ipotensione.

I risultati ottenuti evidenziano la complessità e l'eterogeneità delle infezioni gastrointestinali nella popolazione analizzata, caratterizzate da una diversa distribuzione dei patogeni in relazione all'età, alla stagionalità e al quadro clinico. L'utilizzo di FilmArray Gastrointestinal Panel ha consentito di identificare un ampio spettro di agenti eziologici e i casi di coinfezione, fornendo una caratterizzazione più completa. L'integrazione tra dati microbiologici, epidemiologici e clinici ha quindi permesso di delineare un quadro articolato delle infezioni gastrointestinali osservate nella popolazione in studio, evidenziando come età, agente eziologico e periodo dell'anno possano associarsi a differenti pattern di positività e manifestazioni cliniche.

Il presente studio presenta alcune limitazioni che devono essere considerate nell'interpretazione dei risultati. Innanzitutto, si tratta di uno studio monocentrico e questo

rappresenta un limite perché la popolazione analizzata è costituita esclusivamente da pazienti che si sono sottoposti a questa indagine presso una singola struttura ospedaliera e che potrebbero presentare caratteristiche epidemiologiche differenti rispetto ad altre popolazioni.

Un ulteriore limite è rappresentato dal fatto che l'esecuzione del FilmArray Gastrointestinal Panel non è applicata a tutti i pazienti con sintomatologia gastrointestinale, ma può dipendere dalla gravità della sintomatologia, dal reparto di provenienza, dai criteri adottati dal medico e da viaggi recenti in paesi in via di sviluppo. Pertanto, la popolazione sottoposta al test potrebbe non essere rappresentativa di tutti i soggetti con sintomi gastrointestinali.

Un ulteriore limite nell'interpretazione dei risultati è legato alla natura molecolare del FilmArray GI, che consente di rilevare il materiale genetico dei microrganismi presenti nel campione senza però fornire informazioni sulla loro vitalità. La positività del test non permette di stabilire con certezza che il microrganismo rilevato sia responsabile di un'infezione attiva.

Anche l'analisi delle associazioni tra patogeni, età e sintomatologia presenta alcune limitazioni. I sintomi gastrointestinali sono frequentemente aspecifici, spesso causati da più microrganismi determinando un'impossibilità nell'attribuzione ad un determinato microrganismo di una specifica sintomatologia. Inoltre, in assenza di un adeguato gruppo di confronto, le associazioni osservate devono essere interpretate con cautela e non possono essere considerate indicative di un rapporto causale.

Per quanto riguarda l'andamento temporale dei microrganismi identificati, le variazioni osservate potrebbero essere influenzate non soltanto dalla loro effettiva circolazione nella popolazione, ma anche dalla stagionalità, dal numero di campioni analizzati nei diversi periodi e da eventuali variazioni nei criteri di richiesta del test.

Infine, per i patogeni rilevati con bassa frequenza, la ridotta numerosità delle identificazioni può rappresentare un limite nella dimostrazione di un dato statisticamente significativo.

Nonostante tali limitazioni, lo studio consente di descrivere la distribuzione dei principali patogeni gastrointestinali identificati mediante FilmArray Gastrointestinale Panel nella popolazione esaminata e di fornire dati utili per successive indagini multicentriche.

7. BIBLIOGRAFIA

- Adam R. D. (2001), *Biology of Giardia lamblia*, Clinical Microbiology Reviews, Volume 14, Issue 3, Pages 447–475, doi: 10.1128/CMR.14.3.447-475.2001.
- Alali F., Abbas I., Jawad M. and Hijjawi N. (2021), *Cryptosporidium infections in humans and animals in Iraq: a review*, Acta Tropica, Volume 220, Pages 105946, doi: 10.1016/j.actatropica.2021.105946.
- Alby K. and Nachamkin I. (2016), *Gastrointestinal Infections*, Microbiology Spectrum, doi: 10.1128/microbiolspec.dmih2-0005-2015
- Amjad M. (2020), *An Overview of the Molecular Methods in the Diagnosis of Gastrointestinal Infectious Diseases*, International Journal of Microbiology, Volume 2020, Pages 1–13, doi: 10.1155/2020/8135724.
- Amrud K., Slinger R., Sant N., Desjardins M. and Toye B. (2018), *A comparison of the Allplex™ bacterial and viral assays to conventional methods for detection of gastroenteritis agents*, BMC Research Notes, Volume 11, doi: 10.1186/s13104-018-3645-6.
- Binnicker M. J. (2015), *Multiplex Molecular Panels for Diagnosis of Gastrointestinal Infection: Performance, Result Interpretation, and Cost-Effectiveness*, Journal of Clinical Microbiology, Volume 53, Issue 12, Pages 3723–3728, doi: 10.1128/JCM.02103-15.
- Brumfield K. D., Usmani M., Long D. M., Lupari H. A., Pope R. K., Jutla A. S., Huq A. and Colwell R. R. (2025), *Climate change and Vibrio: environmental determinants for predictive risk assessment*, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, Volume 122, Issue 33, Pages e2420423122, doi: 10.1073/pnas.2420423122.
- Burd E.M. and Hinrichs B.H. (2015), *Gastrointestinal infections*, in Leonard D.G.B. (ed.), Molecular Pathology Library, Pages 707–734, doi: 10.1007/978-3-319-19674-9_50, PMCID: PMC7123654.
- Buss S. N., Leber A., Chapin K., Fey P. D., Bankowski M. J., Jones M. K., Rogatcheva M., Kanack K. J. and Bourzac K. M. (2015), *Multicenter evaluation of the BioFire FilmArray gastrointestinal panel for etiologic diagnosis of infectious*

gastroenteritis, Journal of Clinical Microbiology, Volume 53, Issue 3, Pages 915–925, doi: 10.1128/JCM.02674-14.

- Carmon D., Rohana H., Azrad M. and Peretz A. (2023), *The Impact of a Positive Biofire® FilmArray® Gastrointestinal Panel Result on Clinical Management and Outcomes*, Diagnostics, Volume 13, Issue 6, Pages 1094, doi: 10.3390/diagnostics13061094.
- Centers for Disease Control and Prevention (2024), *About Norovirus*
- Centers for Disease Control and Prevention (2024), *Symptoms of Salmonella Infection*
- Centers for Disease Control and Prevention (2025), *Food Poisoning Symptoms*
- Centers for Disease Control and Prevention (2025), *People at Increased Risk for Food Poisoning*,
- Centers for Disease Control and Prevention (2025), *Preventing Vibrio Infection*
- Centers for Disease Control and Prevention (2026), *About C. diff.*
- Centers for Disease Control and Prevention (2026), *C. diff: Facts for Clinicians*
- Centers for Disease Control and Prevention (2026), *Symptoms of Campylobacter Infection*
- Centers for Disease Control and Prevention (2026), *Travelers' Diarrhea*, CDC Yellow Book: Health Information for International Travel, Edition 2026
- Chacín-Bonilla L. (2010), *Epidemiology of Cyclospora cayetanensis: a review focusing on endemic areas*, Acta Tropica, Volume 115, Issue 3, Pages 181–193, doi: 10.1016/j.actatropica.2010.04.001.
- Chlebicz A. and Śliżewska K. (2018), *Campylobacteriosis, Salmonellosis, Yersiniosis, and Listeriosis as Zoonotic Foodborne Diseases: A Review*, International Journal of Environmental Research and Public Health, Volume 15, doi: 10.3390/ijerph15050863.
- Cortés-Sánchez A. J., Espinosa-Chaurand L. D., Díaz-Ramírez M. and Torres-Ochoa E. (2021), *Plesiomonas: a review on food safety, fish diseases, and tilapia*, The

Scientific World Journal, Volume 2021, Pages 3119958, doi: 10.1155/2021/3119958.

- Costa A. O. and Gomes M. A. (2025), *Entamoeba histolytica: plasma membrane components and virulence factors in the invasive process*, Advances in Parasitology, Chapter 1, doi: 10.1016/S1063-5823(25)00001-8.
- Costa D. V. S., Pham N. V., Loureiro A. V., Yang S. E., Behm B. W. and Warren C. A. (2024), *Clostridioides difficile infection promotes gastrointestinal dysfunction in the post-acute phase of illness in humans and mice*, Anaerobe, Volume 87, Pages 102837, doi: 10.1016/j.anaerobe.2024.102837.
- Croxen M. A., Law R. J., Scholz R., Keeney K. M., Wlodarska M. and Finlay B. B. (2013), *Recent advances in understanding enteric pathogenic Escherichia coli*, Clinical Microbiology Reviews, Volume 26, Issue 4, Pages 822–880, doi: 10.1128/CMR.00022-13.
- Czepiel J., Drózd M., Pituch H., Kuijper E. J., Perucki W., Mielimonka A., Goldman S., Wultańska D., Garlicki A. and Biesiada G. (2019), *Clostridium difficile infection: review*, European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases, Volume 38, Issue 7, Pages 1211–1221, doi: 10.1007/s10096-019-03539-6.
- Desselberger U. and Gray J. (2009), *Viral gastroenteritis*, Medicine, Volume 37, Issue 11, Pages 594–598, doi: 10.1016/j.mpmed.2009.08.005.
- European Centre for Disease Prevention and Control (2023), *Disease factsheet about rotavirus*, Stockholm: ECDC
- European Centre for Disease Prevention and Control (2024), *Yersiniosis*. In: ECDC. *Annual Epidemiological Report for 2022*, Stockholm: ECDC.
- European Centre for Disease Prevention and Control (2025), *STEC infection*. *Annual Epidemiological Report for 2023*, Stockholm: ECDC.
- European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) and European Food Safety Authority (EFSA) (2024), *The European Union One Health 2023 Zoonoses Report*, EFSA Journal.

- European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) and European Food Safety Authority (EFSA) (2025), *The European Union One Health 2024 Zoonoses Report*, EFSA Journal.
- European Food Safety Authority, *Salmonella*
- Fleckenstein J. M., Kuhlmann F. M. and Sheikh A. (2021), *Acute bacterial gastroenteritis*, *Gastroenterology Clinics of North America*, Volume 50, doi: 10.1016/j.gtc.2021.02.002.
- Fletcher S. M., McLaws M.-L. and Ellis J. T. (2013), *Prevalence of gastrointestinal pathogens in developed and developing countries: systematic review and meta-analysis*, *Journal of Public Health Research*, Volume 2, Issue 1, Pages 42–53, doi: 10.4081/jphr.2013.e9.
- Fletcher S., Sibbritt D., Stark D., Harkness J., Rawlinson W., Andresen D., Van Hal S., Merif J. and Ellis J. (2015), *Descriptive epidemiology of infectious gastrointestinal illnesses in Sydney, Australia, 2007–2010*, *Western Pacific Surveillance and Response Journal*, Volume 6, Issue 4, 7–16, doi: 10.5365/WPSAR.2015.6.2.006.
- Galang R. R. and Roy S. C. (2025), *Pregnant Travelers*, CDC Yellow Book, 2026 edition: Health Information for International Travel, Atlanta (GA): Centers for Disease Control and Prevention (US).
- Gampene M. T., Somda N. S., Soubeiga P. A., Karfo P., Zoma B. S., Bako E., Soma D., Diarra F. B. J., Sagnon A., Sougue S., Simpore A., Kpoda S. D., Kabre E. and Bonkougou I. J. O. (2026), *Molecular detection of pathogens associated with childhood gastroenteritis in Burkina Faso using the FilmArray® GI panel*, *BMC Infectious Diseases*, Volume 26, Issue 1, 1547, doi: 10.1186/s12879-026-14002-1.
- Gomes T. A. T., Elias W. P., Scaletsky I. C. A., Guth B. E. C., Rodrigues J. F., Piazza R. M. F., Ferreira L. C. S. and Martinez M. B. (2016), *Diarrheagenic Escherichia coli*, *Brazilian Journal of Microbiology*, Volume 47, Supplement 1, Pages 3–30, doi: 10.1016/j.bjm.2016.10.015.
- Graves N. S. (2013), *Acute Gastroenteritis*, *Primary Care*, Volume 40, Issue 3, Pages 727–741, doi: 10.1016/j.pop.2013.05.006

- Graziani C., Serra R. and Busani L. (eds.) (2012), *Sorveglianza e diagnostica delle gastroenteriti acute in Italia*, Rapporti ISTISAN 12/38, Roma: Istituto Superiore di Sanità.
- Groudan K., Gupta K., Chalhoub J. and Singhania R. (2021), *Incidental diagnosis of Giardia lamblia by duodenal biopsy*, Journal of Investigative Medicine High Impact Case Reports, Volume 9, doi: 10.1177/23247096211001649.
- Guo Y.-T., Hsiung C. A., Wu F.-T., Chi H., Huang Y.-C., Liu C.-C., Huang Y.-C., Lin H.-C., Shih S.-M., Huang C.-Y., Chang L.-Y., Ho Y.-H., Lu C.-Y. and Huang L.-M. (2023), *Clinical manifestations and risk factors of campylobacter gastroenteritis in children in Taiwan*, Biomedical Journal, Volume 46, Issue 6, Pages 100590, doi: 10.1016/j.bj.2023.03.003
- Harrington S. M., Buchan B. W., Doern C., Fader R., Ferraro M. J., Pillai D. R., Rychert J., Doyle L., Laines A., Karchmer T. and Mortensen J. E. (2015), *Multicenter evaluation of the BD Max enteric bacterial panel PCR assay for rapid detection of Salmonella spp., Shigella spp., Campylobacter spp. (C. jejuni and C. coli), and Shiga toxin 1 and 2 genes*, Journal of Clinical Microbiology, Volume 53, doi: 10.1128/JCM.03480-14.
- Hasan H., Nasirudeen N. A., Ruzlan M. A. F., Mohd Jamil M. A., Ismail N. A. S., Wahab A. A. and Ali A. (2021), *Acute Infectious Gastroenteritis: Causative Agents, Omics-Based Detection of Antigens, and New Biomarkers*, Children, Volume 8, Issue 12, Pages 1112, doi: 10.3390/children8121112.
- Institute for Health Metrics and Evaluation (IHME) (2024), *Diarrheal diseases remain a leading killer for children under 5 and adults, adults 70+*
- Istat – Istituto Nazionale di Statistica (2026), *Indicatori demografici – Anno 2025*, comunicato stampa, Roma, 31 marzo 2026.
- Istituto Superiore di Sanità - EpiCentro (2018), *Norovirus*
- Istituto Superiore di Sanità - EpiCentro (2018), *Norovirus: aspetti epidemiologici*
- Istituto Superiore di Sanità (2023), *Escherichia coli produttore di Shiga tossina (STEC)*

- Istituto Superiore di Sanità – EpiCentro (2025), *Salmonella*
- Istituto Superiore di Sanità – EpiCentro (2026), *Salmonella*
- Istituto Superiore di Sanità – EpiCentro, *Campylobacter*
- Istituto Superiore di Sanità – EpiCentro, *Febbre tifoide*
- Istituto Superiore di Sanità – EpiCentro, *Rotavirus*
- Istituto Superiore di Sanità – EpiCentro, *Rotavirus: aspetti epidemiologici*
- Jagirdhar G. S. K., Pulakurthi Y. S., Chigurupati H. D. and Surani S. (2023), *Gastrointestinal tract and viral pathogens*, World Journal of Virology, Volume 12, Issue 3, Pages 136–150, doi: 10.5501/wjv.v12.i3.136.
- Janda J. M., Abbott S. L. and McIver C. J. (2016), *Plesiomonas shigelloides revisited*, Clinical Microbiology Reviews, Volume 29, Issue 2, Pages 349–374, doi: 10.1128/CMR.00103-15.
- Jesser K. J. and Levy K. (2020), *Updates on defining and identifying diarrheagenic Escherichia coli pathotypes*, Current Opinion in Infectious Diseases, Volume 33, Issue 5, Pages 372–380, doi: 10.1097/QCO.0000000000000665.
- Koutsoumanis K., Allende A., Alvarez-Ordóñez A., Bolton D., Bover-Cid S., Chemaly M., De Cesare A., Herman L., Hilbert F., Lindqvist R., Nauta M., Nonno R., Peixe L., Ru G., Simmons M., Skandamis P., Baker-Austin C., Hervio-Heath D., Martinez-Urtaza J., Sanjuán Caro E., Strauch E., Thébault A., Guerra B., Messens W., Simon A. C., Barcia-Cruz R. and Suffredini E. (2024), Public health aspects of *Vibrio* spp. related to the consumption of seafood in the European Union, EFSA Journal, Volume 22, Issue 7, Pages e8896, doi: 10.2903/j.efsa.2024.8896.
- Lamps L.W. (2009), *Infectious Disorders of the GI Tract*, Surgical Pathology of the GI Tract, Liver, Biliary Tract and Pancreas, Pages 51–79, doi: 10.1016/B978-141604059-0.50007-2.
- Lee M. J., Lee J. Y. and Kim S. W. (2025), Associations Between BioFire FilmArray Gastrointestinal Panel Results and Clinical Outcomes in Infectious Gastroenteritis, Diagnostics, Volume 15, Issue 23, 2947, doi: 10.3390/diagnostics15232947.

- Liu J., Luo B., Zhou Y., Ma X., Liang J., Sang X., Lyu L., Chen W., Fu P., Liu H., Zhen S., Wang C., Wu Y., Huang Q., Liang X., Bai G., Lan Z., Zhang S., Wu Y., Li N. and Guo Y. (2023), Prevalence and distribution of acute gastrointestinal illness in the community of China: a population-based face-to-face survey, 2014–2015, BMC Public Health, Volume 23, Issue 1, 836, doi: 10.1186/s12889-023-15337-z.
- Ministero della Salute (2025), *Gastroenteriti*
- Ministero della Salute (2026), *Gastroenteriti*
- Ministero della Salute. *Campylobacteriosi*
- Mullish B.H. and Williams H.R.T. (2018), *Clostridium difficile infection and antibiotic-associated diarrhoea*, Clinical Medicine, Volume 18, Issue 3, Pages 237–241, doi: 10.7861/clinmedicine.18-3-237
- Nataro J. P. and Kaper J. B. (1998), *Diarrheagenic Escherichia coli*, Clinical Microbiology Reviews, Volume 11, Issue 1, Pages 142–201, doi: 10.1128/cmr.11.1.142.
- Oliveira M. M., Amorim-Neto D. P. and Sant'Ana A. S. (2026), *How Salmonella Works Under Osmotic and Desiccation Stresses*, Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, Volume 25, Issue 3, e70439, doi: 10.1111/1541-4337.70439.
- Orenstein R. (2019), *Gastroenteritis, Viral*, Encyclopedia of Gastroenterology, Pages 652–657, doi: 10.1016/B978-0-12-801238-3.65973-1.
- Patel P., Bharadwaj H. R., Al Ta'ani O., Khan S., Alsakarneh S., Malik S., Hayat U., Gangwani M. K., Ali H. and Dahiya D. S. (2025), *Updates and Current Knowledge on the Most Common Forms of Gastroenteritis: A Review*, Journal of Clinical Medicine, Volume 14, Issue 10, Pages 3465, doi: 10.3390/jcm14103465.
- Pineda E. and Perdomo D. (2017), *Entamoeba histolytica under oxidative stress: what mechanisms are at play?*, Cells, Volume 6, Issue 4, Pages 44, doi: 10.3390/cells6040044.
- Poritz M. A. and Lingenfelter B. (2018), *Multiplex PCR for Detection and Identification of Microbial Pathogens*, Advanced Techniques in Diagnostic

Microbiology, Volume 2: Applications, Pages 475–493, doi: 10.1007/978-3-319-95111-9_19.

- Poritz M. A., Blaschke A. J., Byington C. L., Allen L., Nilsson K., Jones D. E., Thatcher S. A., Robbins T., Lingenfelter B., Amriott E., Herbener A., Daly J., Dobrowolski S. F., Teng D. H.-F. and Ririe K. M. (2011), *FilmArray, an Automated Nested Multiplex PCR System for Multi-Pathogen Detection: Development and Application to Respiratory Tract Infection*, PLoS ONE, Volume 6, Issue 10, Pages e26047, doi: 10.1371/journal.pone.0026047.
- Posovszky C., Buderus S., Classen M., Lawrenz B., Keller K.-M. and Koletzko S. (2020), *Acute Infectious Gastroenteritis in Infancy and Childhood*, Deutsches Ärzteblatt International, Volume 117, Issue 37, Pages 615–624, doi: 10.3238/arztebl.2020.0615
- Riahi S. M., Ahmadi E. and Zeinali T. (2021), *Global prevalence of Yersinia enterocolitica in cases of gastroenteritis: a systematic review and meta-analysis*, International Journal of Microbiology, Volume 2021, Pages 1499869, doi: 10.1155/2021/1499869.
- Robins-Browne R. M. and Hartland E. L. (2002), *Escherichia coli as a cause of diarrhoea*, Journal of Gastroenterology and Hepatology, Volume 17, Issue 4, Pages 467–475, doi: 10.1046/j.1440-1746.2002.02769.x
- Rumsey P. and Waseem M. (2026), *Giardia Lamblia Enteritis*, StatPearls [Internet], Treasure Island (FL): StatPearls Publishing.
- Ruzante J. M., Olin K., Munoz B., Nawrocki J., Selvarangan R. and Meyers L. (2021), *Real-time gastrointestinal infection surveillance through a cloud-based network of clinical laboratories*, PLOS ONE, Volume 16, Issue 4, e0250767, doi: 10.1371/journal.pone.0250767.
- Ryan U. and Hijjawi N. (2015), *New developments in Cryptosporidium research*, International Journal for Parasitology, Volume 45, Issue 6, Pages 367–373, doi: 10.1016/j.ijpara.2015.01.009.
- Scavia G., Baldinelli F., Busani L. and Caprioli A. (2012), *The burden of self-reported acute gastrointestinal illness in Italy: a retrospective survey, 2008–*

- 2009, *Epidemiology and Infection*, Volume 140, Issue 7, Pages 1193–1206, doi: 10.1017/S0950268811002020.
- Shane A. L., Mody R. K., Crump J. A., Tarr P. I., Steiner T. S., Kotloff K., Langley J. M., Wanke C., Warren C. A. A., Cheng A. C., Cantey J. and Pickering L. K. (2017), *2017 Infectious Diseases Society of America Clinical Practice Guidelines for the Diagnosis and Management of Infectious Diarrhea*, *Clinical Infectious Diseases*, Volume 65, Issue 12, Pages e45–e80, doi: 10.1093/cid/cix669
 - Simner P. J., Oethinger M., Stellrecht K. A., Pillai D. R., Yogev R., Leblond H. and Mortensen J. (2017), *Multisite evaluation of the BD Max Extended Enteric Bacterial Panel for detection of Yersinia enterocolitica, enterotoxigenic Escherichia coli, Vibrio, and Plesiomonas shigelloides from stool specimens*, *Journal of Clinical Microbiology*, Volume 55, doi: 10.1128/JCM.00911-17.
 - Smits W. K., Lyras D., Lacy D. B., Wilcox M. H. and Kuijper E. J. (2016), *Clostridium difficile infection*, *Nature Reviews Disease Primers*, Volume 2, Pages 16020, doi: 10.1038/nrdp.2016.20.
 - Spina A., Kerr K. G., Cormican M., Barbut F., Eigentler A., Zerva L., Tassios P., Popescu G. A., Rafila A., Eerola E., Batista J., Maass M., Aschbacher R., Olsen K. E. P. and Allerberger F. (2015), *Spectrum of enteropathogens detected by the FilmArray GI Panel in a multicentre study of community-acquired gastroenteritis*, *Clinical Microbiology and Infection*, Volume 21, Issue 8, 719–728, doi: 10.1016/j.cmi.2015.04.007.
 - Stuempfig N. D., Tobin E. H. and Seroy J. (2025), *Viral Gastroenteritis*, StatPearls, NCBI Bookshelf.
 - Szymczak W. A., Engsbro A. L., Lisby J. G., González-López J. J., Granato P., Ledeboer N., Wolk D. M., Young S., Rhoads D. D., Caspar Y., Steed L., Humphries R., Bielefeldt C., Hermanowski M., de Diego J. L., Leibhan H., Boher P., Camprubi C., Orthodoxou M., Sala E., Johnson S., Juanola-Falgarona M., Manissero D. and Bialas J. (2025), *Multicenter evaluation of the QIAstat-Dx Gastrointestinal Panel 2, a multiplex PCR platform for the diagnosis of acute gastroenteritis*, *Journal of Clinical Microbiology*, Volume 63, doi: 10.1128/jcm.01983-24.

- Takaya A., Yamamoto T. and Tokoyoda K. (2020), *Humoral immunity against Salmonella*, *Frontiers in Immunology*, Volume 10, Pages 3155, doi: 10.3389/fimmu.2019.03155.
- Tansarli G. S. and Fang F. C. (2026), *Multiplex PCR to Diagnose Gastrointestinal Infections: Key Limitations in Interpretation*, *United European Gastroenterology Journal*, Volume 14, Issue 7, Pages e70272, doi: 10.1002/ueg2.70272.
- Tay W. L., Chien J. M.-F., Poulouse V., How C. H. and Ng M. C. W. (2025), *Acute gastroenteritis in adults*, *Singapore Medical Journal*, Volume 66, Issue 8, Pages 457–461, doi: 10.4103/singaporemedj.smj-2022-161.
- Valenzuela C., Legarra P., Pena A., et al. (2018), Etiologic and clinical characterization of community acquired gastroenteritis in adult patients in a Chilean emergency room by the FilmArray GI panel, *PLoS ONE*, Volume 13, Issue 11, e0207850, doi: 10.1371/journal.pone.0207850.
- Van Cauteren D., Turbelin C., Fonteneau L., Hanslik T., De Valk H. and Blanchon T. (2015), Physician practices in requesting stool samples for patients with acute gastroenteritis, France, August 2013–July 2014, *Epidemiology and Infection*, Volume 143, Issue 12, 2532–2538, doi: 10.1017/S0950268814003884.
- World Health Organization (2006), *Five keys to safer food*
- World Health Organization (2011), *Water, sanitation and hygiene interventions and the prevention of diarrhoea*
- World Health Organization (2018), *E. coli*
- World Health Organization (2018), *Rotavirus: Vaccine Preventable Diseases Surveillance Standards*, Geneva: World Health Organization, Pages 11.
- World Health Organization (2018), *Salmonella (non-typhoidal)*
- World Health Organization (2020), *Campylobacter*
- World Health Organization (2022), *Norovirus*
- World Health Organization (2023), *Drinking-water*

- World Health Organization (2024), *Campylobacter: background document for the WHO guidelines for drinking-water quality and the WHO guidelines on sanitation and health*, WHO/HEP/ECH/WSH/2024.1, doi: 10.2471/B09124.
- World Health Organization (2024), *Diarrhoeal disease*
- World Health Organization (2024), *Water, sanitation and hygiene and infection prevention and control measures for infectious diarrhoea in health-care settings: operational guide*
- World Health Organization (2025), *Cryptosporidium: Background document for the WHO Guidelines for drinking-water quality and the WHO Guidelines on sanitation and health*, Geneva: World Health Organization.
- World Health Organization (2025), *Noroviruses: background document for the WHO guidelines for drinking-water quality and the WHO guidelines on sanitation and health*, Geneva: World Health Organization, doi: 10.2471/B09241.
- World Health Organization (2025), *Vibrio cholerae: background document for the WHO guidelines for drinking-water quality and the WHO guidelines on sanitation and health*, Geneva: World Health Organization, Drinking-water and sanitation related pathogens series, doi: 10.2471/B09224.
- World Health Organization (2026), *Food safety*
- World Health Organization and Food and Agriculture Organization of the United Nations (2018), *Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) and food: attribution, characterization, and monitoring: report*, Microbiological Risk Assessment series 31, Pages 174.
- Zboromyrska Y. and Vila J. (2016), *Advanced PCR-based molecular diagnosis of gastrointestinal infections: challenges and opportunities*, Expert Review of Molecular Diagnostics, Volume 16, Issue 6, Pages 631–640, doi: 10.1586/14737159.2016.1167599.
- Zhan Z., Guo J., Xiao Y., He Z., Xia X., Huang Z., Guan H., Ling X., Li J., Diao B., Zhao H., Kan B. and Zhang J. (2020), *Comparison of BioFire FilmArray gastrointestinal panel versus Luminex xTAG Gastrointestinal Pathogen Panel*

(xTAG GPP) for diarrheal pathogen detection in China, International Journal of Infectious Diseases, Volume 99, doi: 10.1016/j.ijid.2020.08.020.

8. SITOGRAFIA

- <https://www.biomerieux.com/content/dam/biomerieux-com/service-support/support-documents/instructions-for-use-and-manuals/BFR0002-7233-FA-GI-Mid-Instructions-for-Use-EN-US.pdf?utm>
- <https://www.biomerieux.com/content/dam/biomerieux-com/service-support/support-documents/quick-guides/BFR0002-7234-FA-GI-Mid-Quick-Guide-EN-US.pdf?utm>
- <https://www.biomerieux.com/content/dam/biomerieux-com/service-support/support-documents/instructions-for-use-and-manuals/HTFA-PRT-0001-FilmArray-Torch-Operators-Manual-IVD-EN.pdf?utm>
- <https://www.intersystems.com/it/trakcare-overview>
- https://www.copanusa.com/wp-content/uploads/2019/11/FecalSwab-Package-Insert_HPC021-Fecal-swab-Rev.00-Date2015.04_US.pdf?utm
- https://mediadelivery.copangroup.com/wp-content/uploads/2026/05/LBM_JMKC047R05.EN_DIGITAL.pdf
- www.ourworldindata.org/grapher/deaths-from-diarrheal-diseases
- <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/EUOH-%202024-Zoonoses-report.PDF>