



Dział
Parazytologii i
Chorób Inwazyjnych
Chorób Pszczół i
Chorób Zwierząt Wodnych

Określenie głównych źródeł zarażenia pasożytem *Toxoplasma gondii* dla ludzi w Europie wraz z oceną występowania profilu genetycznych pasożyta



Jacek Sroka
Puławy, 2026.03.26

Toxoplasma gondii

Drogi transmisji:

Pionowa

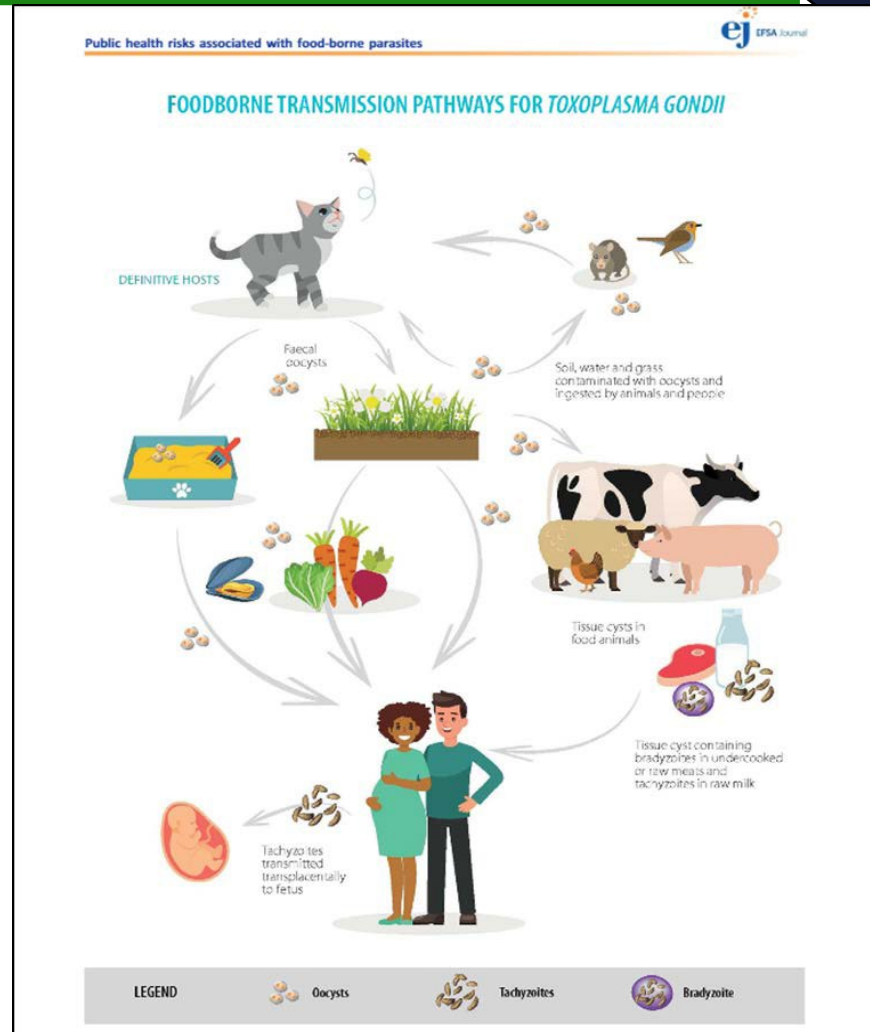
- Tachyzoity → droga transplacentalna

Pozioma

- Cysty tkankowe → surowe mięso, produkty mięsne
- Oocysty → gleba, woda, warzywa
- Tachyzoity → surowe mleko

W skali globalnej, 40–60% nabytych zarażeń *T. gondii* ma charakter „odżywnościowy”

T. gondii zajmuje 3 miejsce na świecie, wśród pasożytów odżywnościowych mających największe znaczenie dla zagrożenia zdrowia ludzi



Europejskie, wielośrodkowe badania nad zanieczyszczeniem paszytami *Toxoplasma gondii* sałat - produktów gotowych do spożycia (RTE), w aspekcie zagrożenia zdrowia konsumentów

„TOXOSOURCES” (*Toxoplasma gondii* sources quantified)

One Health EJP Joint Research Project
21 partnerów europejskich
Lider: Pikka Jokelainen. SSI. Denmark

TOXOSOURCES WP3 – cele:

- ocena znaczenia **świeżych warzyw (RTE)** jako źródła zarażenia oocystami *T. gondii* dla ludzi w Europie
- opracowanie optymalnej **procedury** do wykrywania oocyst w świeżych produktach żywnościowych
- przeprowadzenie **wielośrodkowych badań** nad zanieczyszczeniem oocystami *T. gondii* sałat RTE w Europie



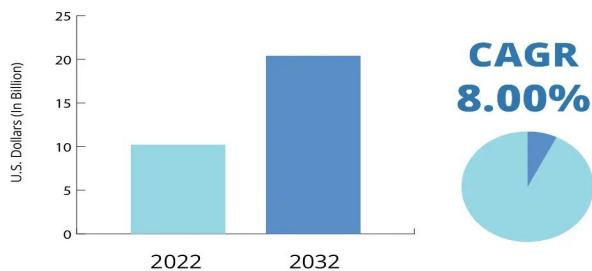
Koordynator WP3 – Marco Lalle (ISS, Rzym, Włochy)

Żywność gotowa do spożycia (RTE)

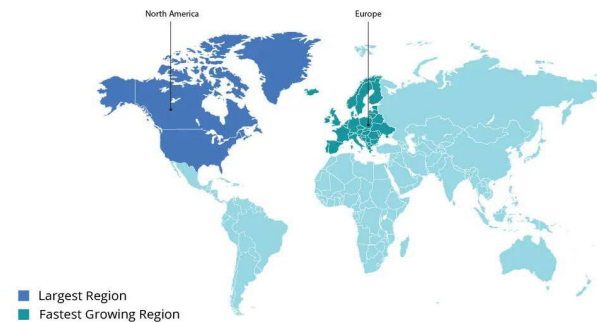


- świeże warzywa, owoce, zioła i kielki, jest coraz częściej spożywana w krajach uprzemysłowionych i postrzegana jako zdrowa, łatwa do spożycia i bezpieczna!

Packaged Salad Market Size, 2022-2032



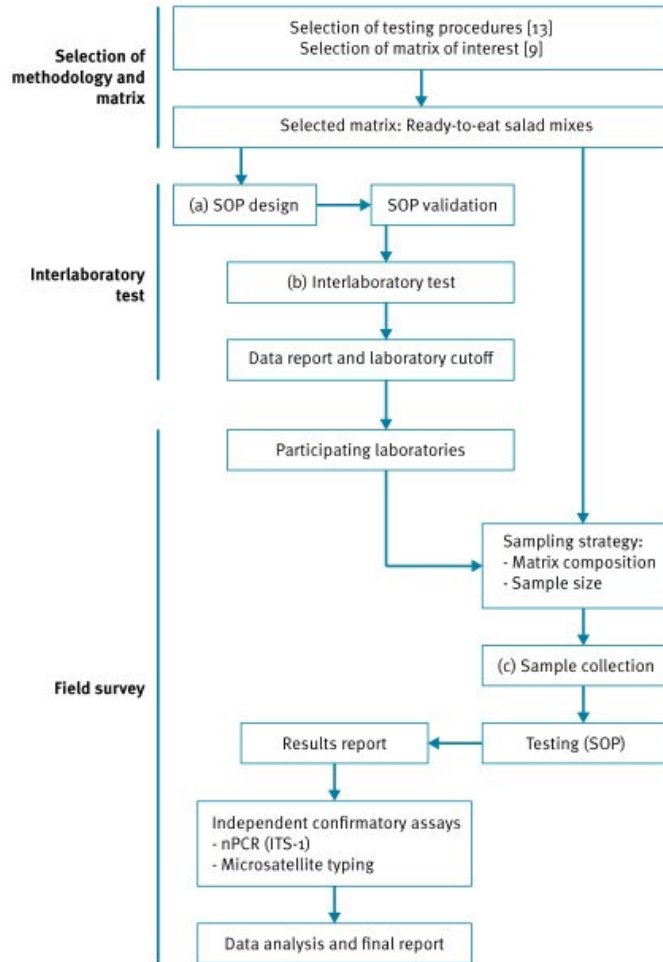
Packaged Salad Market- Regional outlook, 2022-2032



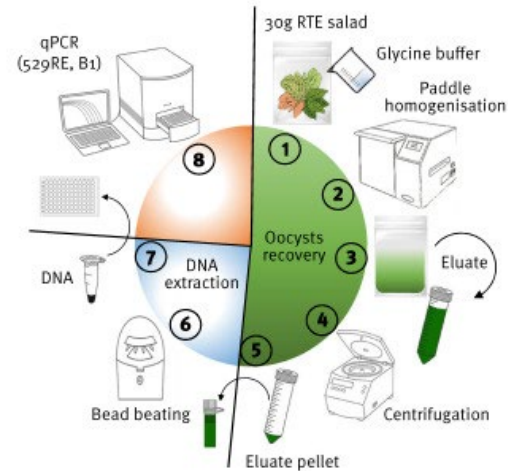
Jednak taka żywność **może być zanieczyszczona patogenami** ;
 Spożycie RTE kojarzone jest jako przyczyna wielu ognisk zachorowań na choroby pasożytniczych na świecie

Schemat badań*

A. Study protocol



B. Detection method



C. Participating countries



*Marco Lalle (ISS, Rzym, Włochy)

Standard operating procedure (SOP)*

DNA amplification assay:

Probe-based **TIPLEX** qPCR targeting the **529RE** (high sensitivity) and the **B1** (high specificity) + IAC (synthetic gene)

Type of sample: RTE Leafy green mixed salad

Amount of sample to be tested: 30 g

Oocyst recovery: Washing by stomaching in filter-bags with glycine 1M pH 5.5 and pelleting by centrifugation (2500 x g 10 min)



DNA extraction: Beat-beating based commercial kit for soil vs freeze and thaw in combination with silica spin columns kits

Walidacja metody

Typy próbek



Panel 1 - ocena ogólnej wydajności odzyskiwania oocyst i detekcji w RT-PCR, *oocysty dodane do liści sałaty*;



Panel 2 – ocena wydajności ekstrakcji DNA – *osad z sałat z oocystami (10-100)*;



Panel 3 – weryfikacja wydajności RT-PCR (*DNA *T. gondii* w różnych koncentracjach*).

LoD = 1 oocysta *T. gondii*

Specyficzność = 100%

Czułość = 100% dla genu 529RE; >70% dla genu B1

Próbkobranie



Typy próbek:

- **Sałaty liściaste** - miksy (**BABY LEAVES**): szpinak, rukola, roszponka; czerwona i zielona sałata
- **Sałaty cięte** - miksy (**CUT SALADS**): Frisée (escarole); Radicchio (czerwone); endywia; zielona sałata (lodowa, rzymska itp.).



Miksy zawierały od 3 do 4 rodzajów warzyw.
 Każdy rodzaj miksu pochodził od co najmniej 2 różnych producentów.

Miejsca zakupu

- Supermarkety
- Sklepy

Czasokres pozyskiwania próbek

- Pozyskiwanie próbek odbywało się **co tydzień, w ciągu 12 m-cy**

Liczba próbek

- 40 mikсів sałat liściastych + 40 mikсів sałat ciętych / kraj / **porę roku**

Ogółem - 320 próbek / kraj

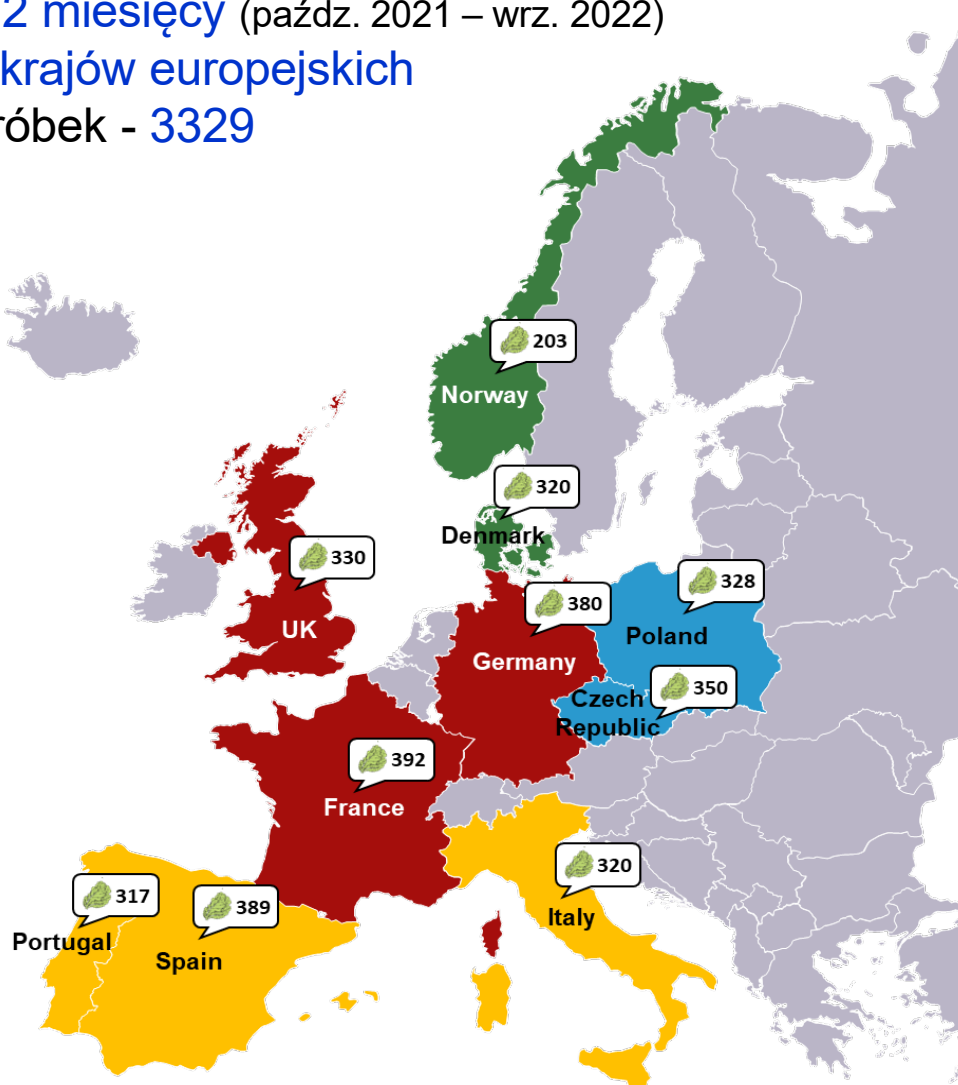


Badania w krajach europejskich*

- Okres badań - 12 miesięcy (paźdz. 2021 – wrz. 2022)
- Uczestnicy - 10 krajów europejskich
- Ogólna liczba próbek - 3329

Sałaty liściaste	1618
Sałaty cięte	1691
Miksy sałat	16
b/d	4

-  RTE salad mix samples
-  North Countries
-  East Countries
-  West Countries
-  South Countries



*Marco Lalle (ISS, Rzym, Włochy)

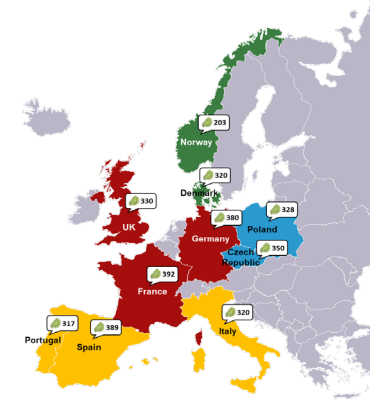
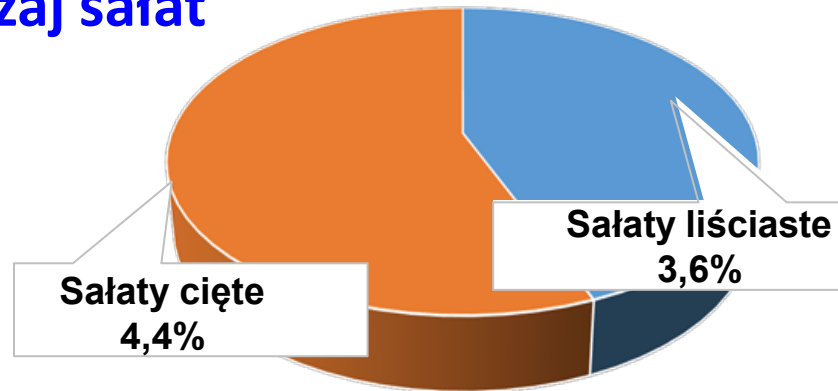
Wyniki qPCR

Kraj	N	N+	%+ (95% CI)
Czechy	350	0	0% (0-1.0)
Dania	320	12	3,8% (2.0-6.5)
Francja	392	24	6,1% (4.0-9.0)
Niemcy	376	9	2,4% (1.1-4.5)
Włochy	317	6	1,9% (0.7-4.1)
Norwegia	202	1	0,5% (0.01-2.7)
Polska	327	9	2,8% (1.3-5.2)
Portugalia	316	8	2,5% (1.1-4.9)
Hiszpania	389	16	4,1% (2.4-6.6)
Wlk. Brytania	306	47	15,4 (11.5-19.9)

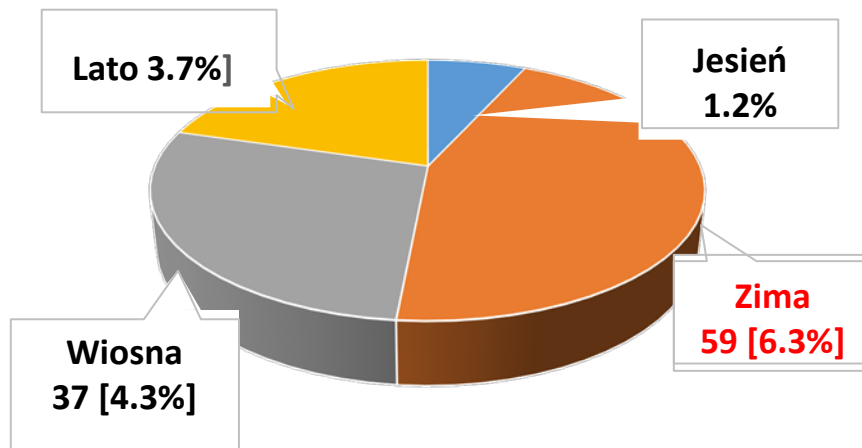


Wyniki qPCR (%+)

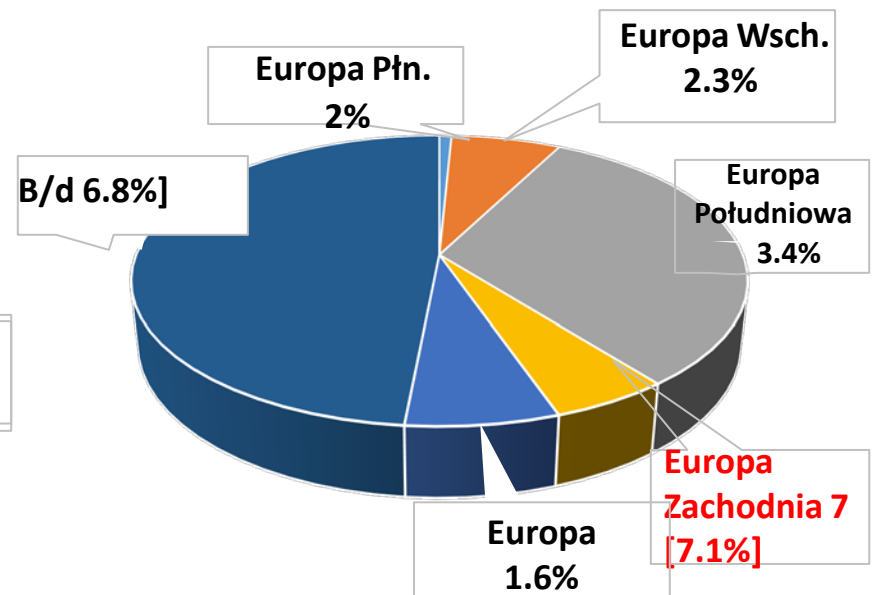
Rodzaj sałat



Pora roku

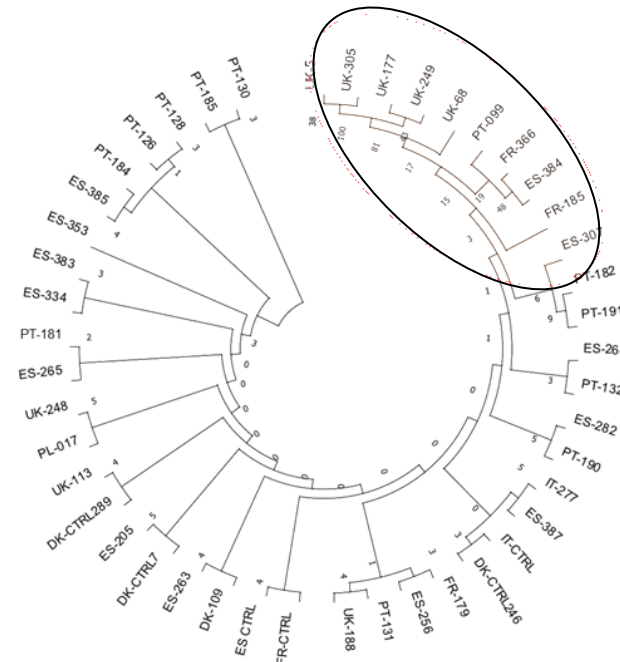
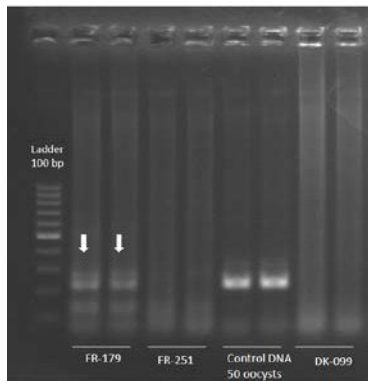


Pochodzenie sałat



Sekwencjonowanie

- 129/132 (98%) dodatnich próbek DNA było dodatkowo badane przy użyciu nested PCR z użyciem ITS1 (internal transcribed spacer 1), a produkty amplifikacji sekwencjonowano w celu potwierdzenia *T. gondii**



Bootstrap consensus tree inferred from 100 replicates using the Maximum Likelihood method and Tamura-Nei model

*Marco Lalle (ISS, Rzym, Włochy)

Podsumowanie

- ❑ Jak dotychczas, jest to **największe badanie wielośrodkowe** przeprowadzone w UE w celu oceny występowania zanieczyszczenia *DNA T. gondii* w sałatach gotowych do spożycia (RTE);
- ❑ Na poziomie europejskim wdrożono znormalizowaną **procedurę** wykrywania zanieczyszczenia oocystami *T. gondii* świeżych produktów z warzyw;
- ❑ Wykazano istnienie **ryzyka zarażenia *T. gondii*** dla ludzi w Europie, poprzez spożycie sałat RTE;
- ❑ Wyniki analizy wykazały związek między większym zanieczyszczeniem produktów RTE *T. gondii* a ich dystrybucją w sezonem **zimowym i wiosennym**, a także lokalizacją w **Europie Zachodniej**.

Ograniczenia badań

- ❖ Ze względu na ograniczenia dostępności do danych, nie udało się ustalić wyraźnego związku między typem uprawy roślin (organiczny/konwencjonalny) a pozytywnym wynikiem qPCR;
- ❖ Obecne badanie oceniało jedynie **obecność DNA *T. gondii***, natomiast nie badano próbek mikroskopowo na obecność oocyst i stanu ich żywotności.

Publikacja

























[Home](#) / [Current](#) / [Archives](#) / [Special compilations](#) / [Collections](#) / [About Us](#) / [Editorial Policies](#)

Home / Eurosurveillance / Volume 30, Issue 22, 05/Jun/2025 / Article

Research


Molecular detection of *Toxoplasma gondii* in ready-to-eat salad mixes: multi-country survey using a validated and harmonised standard operating procedure, Europe, 2021 to 2022

 Check for updates

Rafael Calero-Bernal^{1,*} , Martha Betson^{2,*} , Iva Slana³ , Barbora Bartosova³ , Gianluca Marucci⁴ , Alessia Possenti⁴ ,
 Gema Álvarez-García¹ , Nadja Bier⁵ , Anne Mayer-Scholl⁵ , Rebecca P Berg⁶ , Umer Chaudhry^{2,7} , Nadia M López-Ureña^{1,8} ,
 Weronika Piotrowska⁹ , Jacek Sroka⁹ , Gro S Johannessen¹⁰ , Rebecca Davidson¹¹ , Filip Dámek¹² , Radu Blaga^{12,13} ,
 Sandra Thoumire¹², Barbora Zalewska³ , Helga C Waap¹⁴ , Pikka Jokelainen¹⁵ , Marco Lalle^{4,*} 

 Open Access

Like 0

 Download

 Receive the Table of contents

Create account / Sign-in

Submit your article here

 Submit an Article

 Share

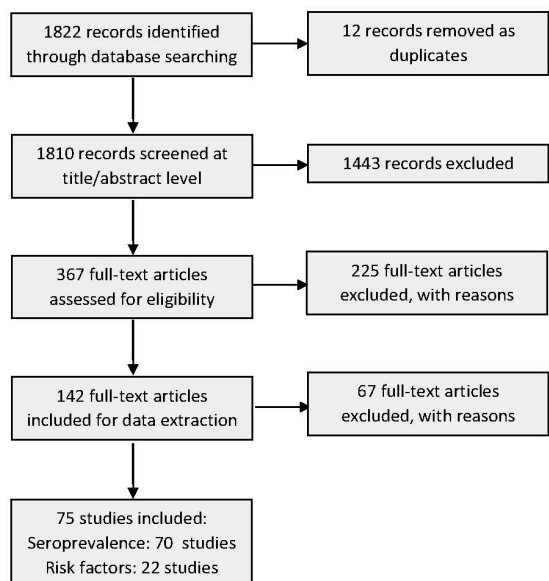


IF=7.8 MNiSW – 140 pkt

Systematic review and modelling of *Toxoplasma gondii* seroprevalence in humans, Europe, 2000 to 2021

Celem badań było zebranie i przeanalizowanie danych dotyczących seroprewalencji *T. gondii* u ludzi w różnych regionach geograficznych Europy, a także utworzenia modelu i porównania zależnej od wieku częstości występowania zakażenia.

W ramach **przeglądu systematycznego** zidentyfikowano **1822** publikacje naukowe, z których wyodrębniono dane dotyczące seroprewalencji z **75** badań. Dane analizowano za pomocą hierarchicznego modelu bayesowskiego.



Variable ^a	Values
region[i]	Eastern, Northern, Southeastern, Southwestern, Western Europe
pop[i]	A unique identifier for a population
ntot[i]	Total number of participants tested
npos[i]	Total number of participants test positive
agemin[i]	Lower bound of the age range
agemax[i]	Upper bound of the age range
agemean[i]	The most probable age at sampling

Systematic review

Europa – region*	Seroprewalencja <i>T. gondii</i>			
	Ogółem	W grupach wiekowych		
		0-25 lat	26-50 lat	>50 lat
wschodni	50%	16	43	68
północny	18%	4	14	27
płd.-wsch.	45%	13	38	62
płd.-zach.	38%	10	30	52
zachodni	48%	4	13	26
UK	18%	15	41	66

*Region:

wschodni: Białoruś, Czechy, Estonia, Węgry, Łotwa, Litwa,, **Polska**, Rumunia, Słowacja, Ukraina;

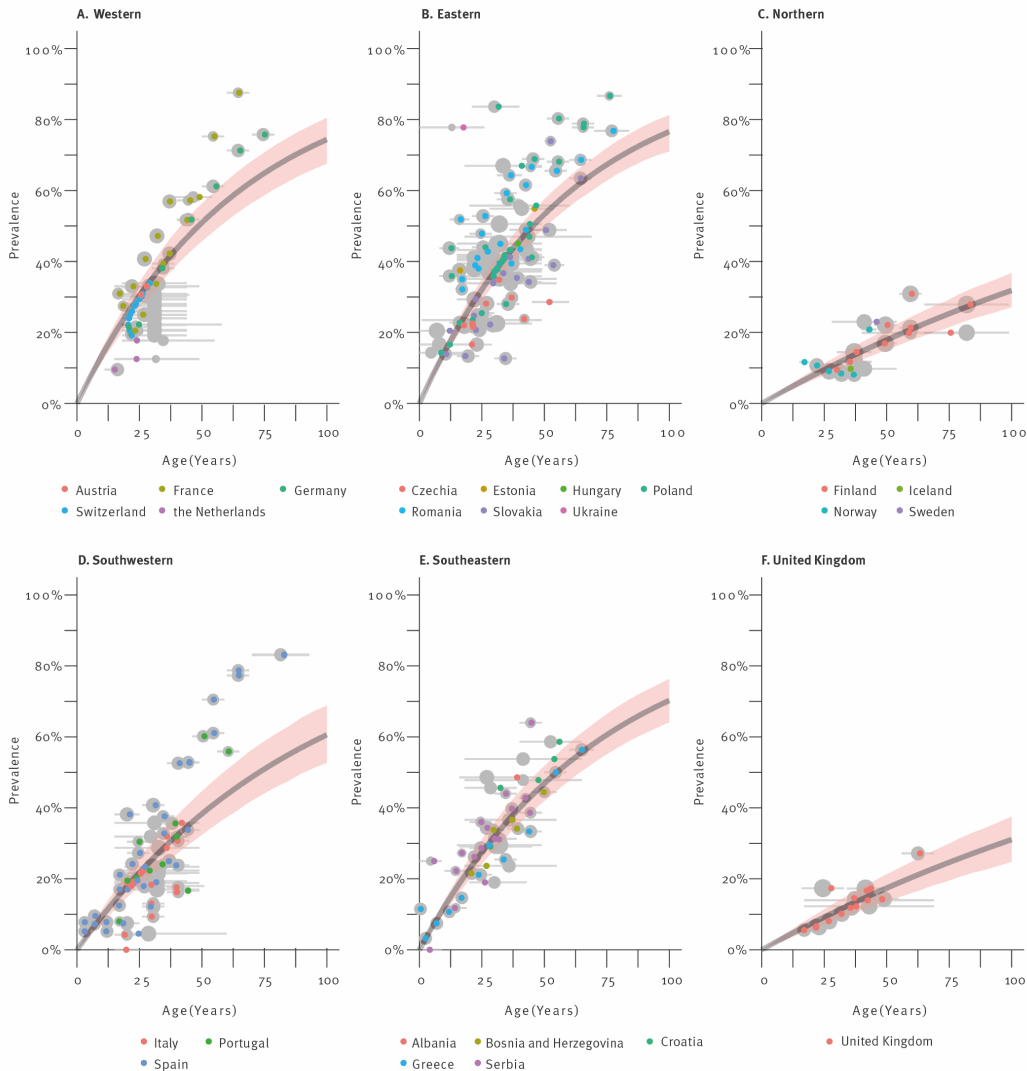
północny: Dania, Finlandia, Islandia, Norwegia, Szwecja;

zachodni: Austria, Francja, Niemcy, Irlandia, Liechtenstein, Luksemburg, Holandia, Szwajcaria;

płd.-wsch.: Albania, Bośnia i Hercegowina, Bułgaria, Chorwacja, Cypr, Grecja, Kosowo, Mołdawia, Płn. Macedonia, Serbia, Słowenia;

płd.-zach.: Andora, Włochy, Malta, Portugalia, San Marino, Hiszpania

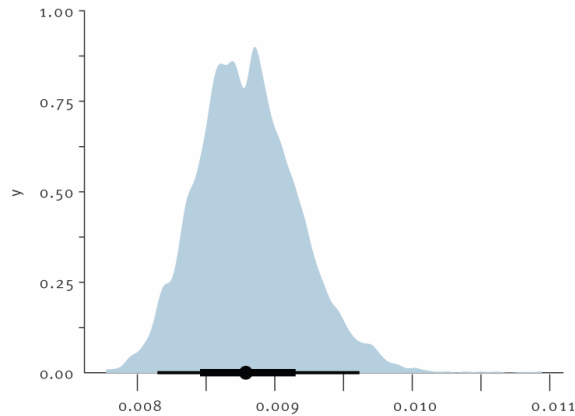
Systematic review



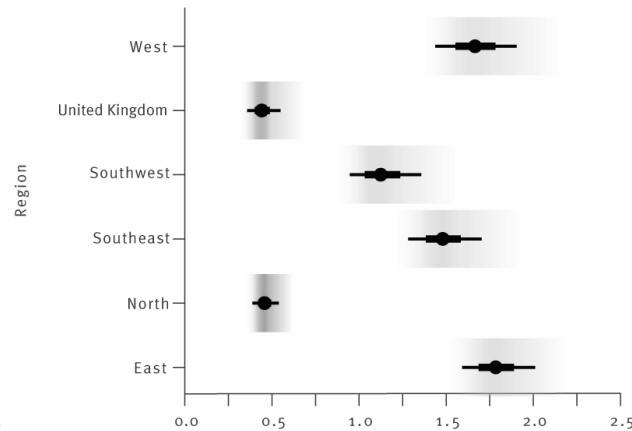
Model SIS (podatny-zarażony-podatny)
- Analiza seroprewalencji *Toxoplasma gondii* u ludzi w Europie, zależnej od wieku

Systematic review

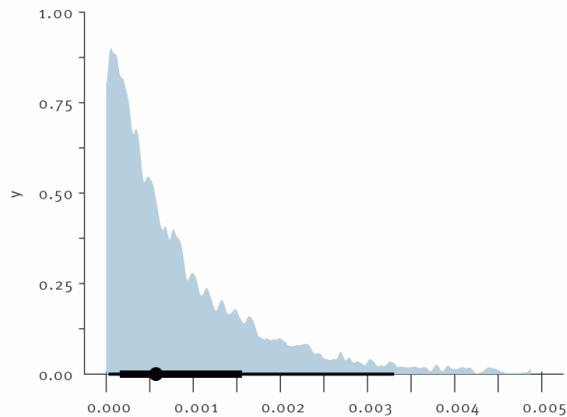
A. Baseline – force of infection



B. Force of infection



C. Reversion



Wyniki hierarchicznego modelu bayesowskiego dla „siły zarażenia” (λ) i wskaźnika rewersji (γ) do statusu seronegatywnego *Toxoplasma gondii* u ludzi w Europie w latach 2000–2021



Eurosurveillance Europe's journal on infectious disease surveillance, epidemiology, prevention and control

Home / Current / Archives / Special compilations / Collections / About Us / Editorial Policies



Home / Eurosurveillance / Volume 30, Issue 34, 28/Aug/2025 / Article

Review

Open Access

Systematic review and modelling of *Toxoplasma gondii* seroprevalence in humans, Europe, 2000 to 2021

Like 0

Download

Receive the Table of contents

Create account / Sign-in

Submit your article here

Submit an Article

Share

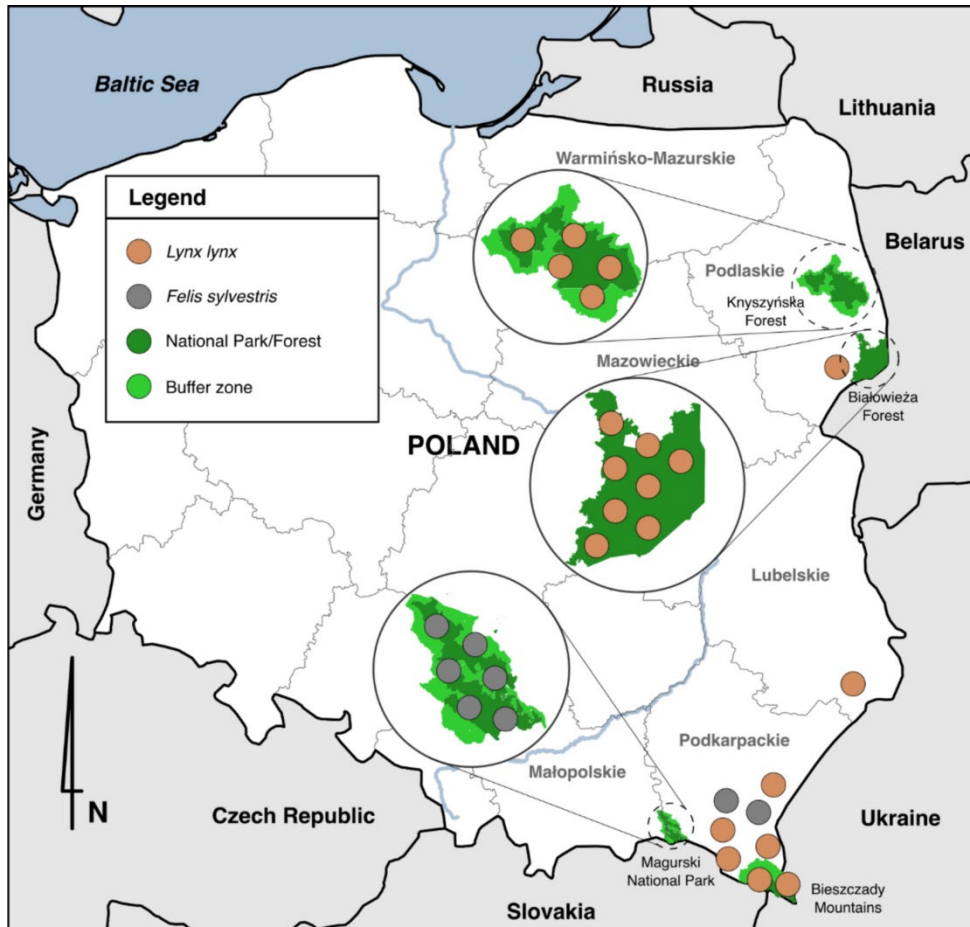
Check for updates

Ingrid HM Friesema^{1,*}, Helga Waap^{1,18,*}, Arno Swart¹, Adriana Györke², Delphine Le Roux³, Francisco MD Evangelista^{4,17}, Furio Spano⁵, Gereon Schares⁶, Gunita Deksnė⁷, Maria João Gargaté⁸, Rafael Calero-Bernal⁹, Pikka Jokelainen¹⁰, Frank Seeber¹¹, Jacek Sroka¹², Anna Lundén¹³, Oda van den Berg¹, Solveig Jore¹⁴, Henk J Wisselink¹⁵, Filip Dámek³, Lasse S Vestergaard¹⁶, Marieke Opsteegh¹⁷

View Affiliations

IF=7.8 MNiSW – 140 pkt

Toxoplasma gondii u dzikich kotowatych



Miejsca pozyskiwania próbek dzikich kotowatych - *ryśa euroazjatyckiego* (*Lynx lynx*) i *żbika europejskiego* (*Felis silvestris*) w woj. podkarpackim, podlaskim i lubelskim.

Toxoplasma gondii u dzikich kotowatych

Podsumowanie wyników badań serologicznych (IgG) i PCR w zależności od gatunku, pochodzenia, płci i wieku badanych kotowatych

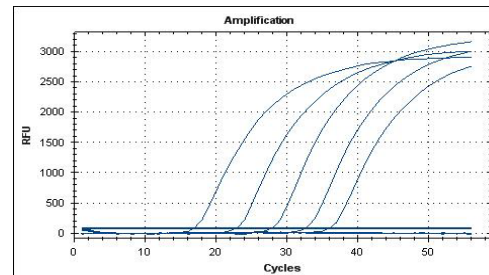
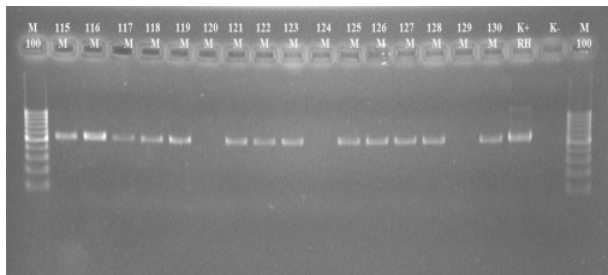
Parametr		Seroprewalencja	PCR
		N pos. / N bad. (% pos.)	N pos. / N bad. (% pos.)
Województwo	Podkarpackie	5/14 (35,7%)	5/14 (35,7%)
	Podlaskie	9/14 (64,3%)	8/14 (57,1%)
	Lubelskie	1/1	1/1
	Ogółem	15/29 (51,7%)	14/29 (48,3%)
Płeć	Samica	7/9 (77,8%)	4/10 (40%)
	Samiec	6/11 (54,5%)	5/10 (50%)
Wiek	< 1 roku	4/7 (57,1%)	2/6 (33,3%)
	1-2 lata	1/2 (50%)	1/2 (50%)
	> 2 lat	7/10 (70%)	6/10 (60%)

Toxoplasma gondii u dzikich kotowatych

Wyniki genotypowania *T. gondii* z użyciem dodatkowych markerów

Nr	Gatunek	Tkanka	SAG1	5'+3' SAG2	SAG3	GRA6	BTUB	Alt. SAG2	C22-8	C29-2	L358	PK1	APICO
23	<i>E. lynx</i>	serce	n/a	II	II	II	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a
4	<i>E. wildcat</i>	mózg	II/III	II	II	II	II	II	II	n/a	II	II	I
2	<i>E. wildcat</i>	mięśnie	n/a	n/a	n/a	n/a	II	n/a	n/a	n/a	II	n/a	I
16	<i>E. lynx</i>	serce	n/a	n/a	II	II	II	n/a	n/a	II	II	II	I

Genotypowanie próbek pozytywnych wykazało przewagę występowania linii klonalnej **typu II (82,6%)**, następnie typu I (13,0%) i typu II/III (4,3%).



Publikacja

[Home](#) > [BMC Veterinary Research](#) > [Article](#)

Toxoplasma gondii in wild felides in Poland

Research | [Open access](#) | Published: 12 December 2025

Volume 22, article number 26, (2026) [Cite this article](#)

✓ You have full access to this [open access](#) article

[Download PDF](#) ↓

[Save article](#)

[Anna Didkowska](#) ✉, [Marta Kołodziej-Sobocińska](#), [Katarzyna Matusik](#), [Krzysztof Schmidt](#), [Daniel Klich](#),
[Ewelina Kwiecień](#), [Stanisław Kaczor](#), [Piotr Kwieciński](#), [Jacek Karamon & Jacek Sroka](#) ✉

IF=2.6 MNiSW – 140 pkt