

Parere CNSA – Echinococcosi cistica: conoscenze attuali e suggerimenti per la prevenzione e il controllo della diffusione



L'Echinococcosi cistica (EC) è una malattia cronica disabilitante di origine parassitaria, diffusa in tutto il mondo e storicamente endemica in Italia, che costituisce un caso esemplare di *one-health*, coinvolgendo l'uomo, i cani, gli animali da reddito, l'ambiente e

i prodotti alimentari.

Su scala internazionale, nonostante lo svolgimento di importanti programmi di ricerca, sussistono ancora numerose incertezze scientifiche e diverse criticità che non consentono di delineare un preciso quadro epidemiologico, sia per l'uomo che per gli animali. Nonostante, quindi, sia difficile calcolare con precisione l'onere sanitario ed economico dell'echinococcosi, si stima che tale patologia sia responsabile di perdite economiche significative nel settore della sanità pubblica. A livello globale, uno studio del 2006 ha stimato costo di almeno 760 milioni di dollari di perdite per l'infezione umana e di almeno 140 milioni di dollari per le perdite annuali di produzione degli animali da reddito. Per quanto riguarda l'Italia, l'EC risulta essere la seconda zoonosi per ospedalizzazione, e sono stati stimati un onere finanziario medio nazionale di circa 4.000.000 di euro l'anno per l'infezione umana e notevoli perdite economiche per la

riduzione della produzione lattea negli animali da reddito.

La Sezione per la Sicurezza Alimentare del CNSA evidenzia la necessità di sensibilizzare ed informare cittadini ed operatori sanitari, al fine di assicurare il contenimento della parassitosi, ed auspica lo svolgimento di studi scientifici che possano contribuire alla conoscenza delle fonti di infezione e delle abitudini socioculturali coinvolte nella trasmissione della patologia nelle aree endemiche.

[Parere CNSA – Echinococcosi cistica: conoscenze attuali e suggerimenti per la prevenzione e il controllo della diffusione](#)

Omicron: per quanto tempo ancora l'alfabeto greco designera' le varianti di SARS-CoV-2?



L'identificazione della variante "omicron", alias "B.1.1.529", recentemente avvenuta in Sudafrica – sebbene la stessa fosse già presente nei Paesi Bassi -, ha reso ancora più esiguo il numero delle lettere dell'alfabeto greco non ancora utilizzate per designare le

varianti di SARS-CoV-2 che progressivamente emergono sulla scena epidemiologica mondiale. Contemporaneamente si accresce, altresì, il numero delle specie animali suscettibili al

betacoronavirus responsabile della CoViD-19.

In alcune di queste (gatto, cane, cervo a coda bianca) e' stata parimenti segnalata la presenza di varianti ("alfa", "B.1.2", "B.1.311" ed altre ancora), verosimilmente acquisite da nostri conspecifici SARS-CoV-2-infetti.

In un siffatto contesto, risulta particolarmente degna di attenzione la variante "cluster 5", comparsa oltre un anno fa negli allevamenti intensivi di visoni olandesi e danesi, per esser quindi ritrasmessa dai visoni stessi all'uomo.

In considerazione di quanto sopra esposto e, nondimeno, in una quantomai opportuna prospettiva di "One Health" – la "salute unica di uomo, animali ed ambiente" -, sarebbe a dir poco miope e riduttivo considerare Homo sapiens sapiens quale "unico attore" coinvolto nelle intricate e complesse dinamiche d'interazione virus-ospite, tanto piu' alla luce della probabile quanto plausibile origine di SARS-CoV-2 dal mondo animale.

Giovanni Di Guardo

Gia' Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria

all'Universita' di Teramo

Cibo sovrano. Le guerre alimentari globali al tempo del virus



Sarà presentato il 6 dicembre 2021 a Perugia il libro di Maurizio Martina, vicedirettore generale della FAO, “Cibo sovrano. Le guerre alimentari globali al tempo del virus”

Ore 14,30 – **Saluti istituzionali**

Amedeo Bianco, Presidente della Fondazione Onaosi

Aldo Grasselli, vice Presidente della Fondazione Onaosi

Giorgio Eduardo Montanari, Direttore del Dipartimento di Scienze Politiche

Fabrizio Rueca, Direttore del Dipartimento di Medicina Veterinaria

Maurizio Oliviero, Magnifico Rettore dell'Università degli Studi di Perugia

Tavola rotonda per la presentazione del volume

Chairman: Maurizio Monaci, Professore dell'Università degli Studi di Perugia

Coordina: Margherita D'Amico, Scrittrice e Giornalista

Nicola Bertinelli, vice Presidente Coldiretti, Presidente del Consorzio del Formaggio Parmigiano Reggiano

Beniamino Cenci Goga, Autorità Europea per la Sicurezza Alimentare

Alessandro Fantini, Direttore Ruminantia

Maurizio Martina, vice Direttore Generale “Food and Agriculture Organization of the United Nations”

Maurizio Oliviero, Magnifico Rettore dell'Università degli Studi di Perugia

Lorella Tosone, Dipartimento di Scienze Politiche dell'Università degli Studi di Perugia

Ore 16,30 – **L'impatto della pandemia sulla sicurezza alimentare nel mondo**

Luca Pieroni e Lorella Tosone dialogano con Maurizio Martina a partire dal rapporto "The state of food security and nutrition in the world, 2021" (Fao, Ifad, Unicef, Wfp, Who).

E' possibile partecipare all'evento anche attraverso la piattaforma Zoom

[Locandina](#)

FVE: ONE HEALTH ruolo dei veterinari e sostenibilità della produzione alimentare

FVE – Federazione dei veterinari europei è impegnata in una campagna di informazione sul ruolo e l'impegno dei medici veterinari per la sostenibilità dei sistemi alimentari attraverso la promozione della salute, del benessere e della salute pubblica degli animali nell'ottica dell'approccio One health.

I veterinari promuovono la sostenibilità dei sistemi alimentari



Federation
of Veterinarians
of Europe



1.

One Health

I veterinari contribuiscono all'approccio One Health attraverso una migliore comunicazione e collaborazione tra i partners per la salute animale, umana e dell'ambiente

- Documento di sintesi FVE <https://bit.ly/3I2J1r6>
 - Il ruolo dei veterinari nella promozione di One Health – un bene pubblico globale – <https://bit.ly/3riLMhX>
 - #Whylivestockmatter – Campagna ILRI – <https://whylivestockmatter.org/livestock-pathways-2030-one-health>
-

Long CoViD e anticorpi anti-idiotipo



Le sequele dell'infezione da SARS-CoV-2, efficacemente riassunte dall'espressione "*long CoViD*", interesserebbero su scala globale circa 100 dei 260 milioni di individui virus-infetti, 5.200.000 dei quali hanno sinora sviluppato forme di malattia ad esito letale (con oltre 130.000 decessi segnalati in Italia).

Secondo uno [studio appena pubblicato sul New England Journal of Medicine](#), gli anticorpi anti-idiotipo potrebbero rappresentare una rilevante componente implicata nella dibattuta quanto intricata e, per molti aspetti, ancora misteriosa patogenesi della "*long CoViD*".

Gli anticorpi anti-idiotipo, descritti per la prima volta nel 1974 da Niels Jerne*, verrebbero prodotti dall'ospite in

risposta alle immunoglobuline primariamente/originariamente elaborate dalle plasmacellule nei confronti di qualsivoglia antigene, interagendo quindi con queste ultime e dando così vita ad un “complesso antigene-anticorpi primari-anticorpi anti-idiotipo”.

La principale caratteristica degli anticorpi anti-idiotipo risiede nella loro stretta somiglianza, per non dire pressoché completa identità, nei confronti dell'antigene, il cui mosaico “*not-self*” sarebbe fedelmente ricapitolato dagli stessi.

Trasferendo ora queste nozioni sull'accidentato terreno della patogenesi della “*long CoViD*” e, nondimeno, delle forme gravi di malattia e delle pur rare reazioni avverse osservate a seguito della vaccinazione anti-SARS-CoV-2 – fattispecie accomunate tutte, verosimilmente, da meccanismi patogenetici immuno-mediati -, alla produzione di immunoglobuline primarie anti-SARS-CoV-2 potrebbe far seguito l'elaborazione, da parte dell'ospite, di una conseguente “ondata” di anticorpi anti-idiotipo.

E poiché questi ultimi, come più sopra richiamato, sarebbero a loro volta contraddistinti da una “specularità antigenica” nei confronti dei diversi epitopi virali (a cominciare, ovviamente, dalla glicoproteina “*spike*”), ecco che il sistema immunitario si troverebbe nuovamente esposto ai medesimi stimoli antigenici che aveva dovuto fronteggiare in risposta alla primitiva infezione naturale e/o alla vaccinazione. Si metterebbe dunque in moto una sorta di circolo vizioso, progressivamente alimentato dalle anzidette “cicliche” ondate di anticorpi anti-SARS-CoV-2 e di anticorpi anti-idiotipo rivolti verso questi ultimi.

Un siffatto meccanismo patogenetico, suggestivo ed intrigante al contempo, potrebbe fare il paio e risultare complementare o, al contrario, alternativo rispetto a quello inerente la prolungata e reiterata persistenza di SARS-CoV-2 in uno o più

distretti tissutali dell'ospite in corso di "long CoViD", come riferisco in una "[Letter to the Editor](#)" appena pubblicata sul BMJ. Quest'ultima ipotesi patogenetica muove le sue premesse da quanto chiaramente documentato in materia d'infezione da "Human Immunodeficiency Virus" (HIV), la cui grande variabilita' antigenica (cd "antigenic drift") coinciderebbe con la produzione di ondate consecutive di anticorpi da parte dell'ospite nei confronti del complesso quanto mutevole mosaico di epitopi progressivamente caratterizzanti l'agente virale nel contesto di un'infezione, quella da HIV perlappunto, che per sua intrinseca natura risulta cronica e protratta.

Qualora una sequenza di eventi piu' o meno sovrapponibile a quella registrata in corso d'infezione da HIV dovesse verificarsi anche in corso di "long CoViD", cio' potrebbe rappresentare un ulteriore "prerequisito" ai fini della comparsa di addizionali varianti ("variants of concern" e "variants of interest") di SARS-CoV-2, la cui ultima incombente minaccia sarebbe giustappunto costituita da quella denominata "omicron" e nota con la sigla "B.1.1.529", che e' stata recentemente identificata in Sudafrica ed in altri Stati limitrofi.

Giovanni Di Guardo

Gia' Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria

all'Universita' di Teramo

*Jerne NK. Towards a network theory of the immune system. Ann Immunol (Paris) 1974;125C:373-389

Covid: gli animali più a rischio? Quelli che frequentano l'uomo



Mucche, gorilla e orsi sono a più alto rischio di contagiarsi di SARS-CoV-2. Più in generale, tutte le specie a stretto contatto con l'uomo. A scoprirlo, lo studio del Cary Institute of Ecosystem Studies, [pubblicato su Proceedings of the Royal Society B](#). Per arrivare a

questi risultati, i ricercatori hanno utilizzato un nuovo approccio con un modello computerizzato in grado di prevedere la capacità di contrarre l'infezione da SARS-CoV-2 di 5.400 specie di mammiferi ed estendendo la capacità predittiva di rischio Covid-19 di vari ordini di grandezza.

Delle specie ad alto rischio segnalate, secondo lo studio, molte vivono vicino alle persone e negli hotspot Covid-19.

Secondo i ricercatori, un importante ostacolo alla previsione delle specie di mammiferi ad alto rischio sono i dati limitati su ACE2, il recettore cellulare a cui si lega SARS-CoV-2 negli animali. ACE2 consente a SARS-CoV-2 di entrare nelle cellule ospiti e si trova in tutti i principali gruppi di vertebrati. È probabile che tutti i vertebrati abbiano recettori ACE2, ma le sequenze erano disponibili solo per 326 specie. Per superare questo ostacolo, il team ha sviluppato un modello di apprendimento automatico che combinava i dati sui tratti biologici di 5.400 specie di mammiferi con i dati disponibili su ACE2.

L'obiettivo: identificare le specie di mammiferi con

un'elevata "capacità zoonotica" – la capacità di contrarre l'infezione da SARS-CoV-2 e trasmetterla ad altri animali e persone. Il metodo che hanno sviluppato potrebbe aiutare a estendere la capacità predittiva per i sistemi di malattie oltre il Covid-19.

"Il SARS-CoV-2 ha avuto origine in un animale prima di fare il salto alle persone" – commenta l'autore Ilya Fischhoff, del Cary Institute of Ecosystem Studies – "Ora, le persone hanno causato infezioni in una varietà di mammiferi, principalmente quelli tenuti nelle fattorie, negli zoo e persino nelle nostre case. Sapere quali mammiferi sono in grado di reinfettarci è fondamentale per prevenire le infezioni da spillback e nuove varianti pericolose", conclude. Quando un virus passa dalle persone agli animali e di nuovo alle persone si parla di spillover secondario. Questo fenomeno può accelerare la creazione di nuove varianti nell'uomo che sono più virulente e meno reattive ai vaccini.

La ricaduta secondaria di SARS-CoV-2 è già stata segnalata tra i visoni d'allevamento in Danimarca e nei Paesi Bassi, dove ha portato ad almeno una nuova variante di SARS-CoV-2.

Questo modello matematico ha previsto la capacità zoonotica delle specie di mammiferi con una precisione del 72% e ha identificato numerose altre specie di mammiferi con il potenziale di trasmettere SARS-CoV-2.

Le previsioni corrispondevano ai risultati osservati per cervi dalla coda bianca, visoni, cani procioni, leopardi delle nevi e altri. Il modello ha rilevato che le specie di mammiferi più rischiose erano spesso quelle che vivono in paesaggi disturbati e in prossimità delle persone, inclusi animali domestici, bestiame e animali che vengono scambiati e cacciati. Si prevedeva che i primati avessero la più alta capacità zoonotica e il più forte legame virale tra i gruppi di mammiferi. Il bufalo d'acqua, allevato per il latte e l'allevamento, aveva il rischio più alto tra il bestiame. Il

modello ha anche previsto un elevato potenziale zoonotico tra i mammiferi commerciati vivi, tra cui macachi, orsi neri asiatici, giaguari e pangolini, evidenziando i rischi posti dai mercati vivi e dal commercio di animali selvatici. SARS-CoV-2 presenta anche sfide per la conservazione della fauna selvatica.

L'infezione è già stata confermata nei gorilla di pianura occidentale. Per le specie ad alto rischio come i gorilla di montagna, l'infezione da spillback potrebbe verificarsi attraverso l'ecoturismo. Gli orsi grizzly, gli orsi polari e i lupi, tutti nel 90esimo percentile per la capacità zoonotica prevista, sono spesso gestiti dai biologi per la ricerca e la gestione. Han spiega: "Il nostro modello è l'unico che è stato in grado di fare previsioni sui rischi per quasi tutte le specie di mammiferi. Ogni volta che sentiamo parlare di una nuova specie che è stata trovata positiva al SARS-CoV-2, rivisitiamo la nostra lista e scopriamo che è classificata in alto. I leopardi delle nevi avevano un punteggio di rischio intorno all'80° percentile. Ora sappiamo che sono una delle specie selvatiche che potrebbero morire di Covid-19".

Le persone che lavorano a stretto contatto con mammiferi ad alto rischio dovrebbero prendere ulteriori precauzioni per prevenire la diffusione di SARS-CoV-2. Tra questi, la priorità delle vaccinazioni tra veterinari, guardiani dello zoo, allevatori di bestiame e altre persone in contatto costante con gli animali. I risultati possono anche guidare strategie di vaccinazione mirate per i mammiferi a rischio. Un'iterazione più efficiente tra previsioni computazionali, analisi di laboratorio e sorveglianza degli animali ci aiuterà ad ottenere informazioni necessarie per guidare la risposta alla pandemia zoonotica ora e in futuro, concludono gli autori.

Fonte: AGI

SARS-CoV-2, l'intrigante ed allarmante caso dei cervi a coda bianca statunitensi



Il cervo a coda bianca (*Odocoileus virginianus*) è, in ordine di tempo, l'ultima specie che si aggiunge al già consistente novero di quelle naturalmente e/o sperimentalmente suscettibili nei confronti dell'infezione da SARS-CoV-2, il famigerato

betacoronavirus che ha sinora mietuto oltre 5 milioni di vittime nel mondo, 130.000 e più delle quali in Italia.

Il cervide in questione, la cui marcata sensibilità all'infezione sperimentalmente indotta era già stata documentata da un precedente studio che aveva parimenti dimostrato un'elevata omologia di sequenza fra il recettore virale ACE-2 della stessa e quello umano, [albergherebbe infatti, nel 40% dei campioni di emosiero ottenuti da esemplari residenti nella regione nord-orientale degli USA, anticorpi anti-SARS-CoV-2](#). Tassi di prevalenza anticorpale ancor più consistenti, pari a circa l'80% degli individui esaminati, sarebbero stati altresì rilevati in occasione di un'ulteriore indagine condotta fra i cervi a coda bianca dell'Iowa, [i cui risultati sono stati appena pubblicati in forma di "preprint"](#) (vale a dire senza che il manoscritto sia stato ancora sottoposto alla cosiddetta "revisione tra pari", *alias "peer review"*).

Nello specifico, quest'ultimo lavoro ha confermato i dati già emersi dai succitati studi condotti nei mesi precedenti, con particolare riferimento all'elevato grado di suscettibilità nei confronti di SARS-CoV-2 da parte dei cervi a coda bianca che, una volta acquisita l'infezione – con ogni probabilità dall'uomo, leggasi “*spillover* uomo-cervo” -, sarebbero stati capaci di propagarla all'interno della propria specie senza che ciò esitasse, peraltro, nella comparsa di una malattia clinicamente manifesta, eccezion fatta per sporadici casi d'infezione paucisintomatici. I cervi dell'Iowa, inoltre, sarebbero risultati sensibili ad alcune “varianti” di SARS-CoV-2 identificate nella nostra specie, quali *in primis* la “B.1.2” e la “B.1.311”.

Diversamente da quanto osservato poco più di un anno fa negli allevamenti intensivi di visoni dei Paesi Bassi e della Danimarca (ove lo “*stamping out*” di massa ha comportato l'abbattimento di ben 17 milioni di esemplari!), non è stato sinora documentato alcun caso di trasmissione di SARS-CoV-2 dai cervi a coda bianca all'uomo (leggasi “*spillback* cervo-uomo”). Ciononostante, quello dei visoni olandesi e danesi, che avrebbero “restituito” in forma mutata all'uomo una variante di SARS-CoV-2 (“*cluster 5*”) selezionatasi nel loro organismo a seguito della pregressa trasmissione del virus agli stessi da parte dell'uomo, costituisce a mio avviso un precedente degno della massima attenzione, come sottolineo peraltro in una mia [“Letter to the Editor” appena pubblicata sulla prestigiosa Rivista Veterinary Record.](#)

E' oramai assodato, infatti, che SARS-CoV-2 è un agente patogeno dotato di notevole “plasticità”, come eloquentemente testimoniano le numerosissime varianti virali (“*variants of concern*” e “*variants of interest*”) comparse e circolanti in ogni angolo del Pianeta. Queste ultime sono il frutto, a loro volta, dei cicli replicativi che il virus compie all'interno sia delle nostre cellule sia di quelle delle numerose specie animali domestiche e selvatiche che a SARS-CoV-2 risultano

sensibili. Il genoma di SARS-CoV-2 consta di circa 30.000 nucleotidi e si stima che, ad ogni replicazione coinvolgente 10.000 delle succitate basi azotate, possa corrispondere la comparsa di una mutazione genetica. Ovviamente esistono varie tipologie di mutazione e, senza entrare troppo nei "tecnicismi", solo un ridotto numero di esse permetterà al virus di acquisire "nuove" caratteristiche fenotipiche (*alias* la cosiddetta "*gain of function*"), quali ad esempio una più spiccata virulenza e/o un'accresciuta capacità di diffusione/trasmissione interumana e di colonizzazione delle nostre cellule, se non addirittura di elusione della risposta immunitaria indotta dall'infezione o dalla vaccinazione, caratteristiche che la ben nota variante "*delta*" sembra ricapitolare in maniera quantomai efficace al proprio interno.

Come se tutto ciò non bastasse, un [caso d'infezione sostenuta dalla variante "alfa" di SARS-CoV-2](#), precedentemente nota come variante "*inglese*", è stato accertato alcuni mesi fa in Piemonte in un gatto i cui proprietari erano risultati affetti da CoViD-19, mentre un altro studio appena pubblicato su *Veterinary Record* descrive ancora una volta [la presenza della variante alfa in due gatti ed in un cane con sospetta miocardite in Francia](#), i cui proprietari avevano manifestato nelle settimane antecedenti sintomi respiratori da CoViD-19.

Come affrontare tutto ciò? La risposta è una ed una sola: mediante un approccio "olistico" e multidisciplinare, mirabilmente riassunto dall'espressione "*One Health*", la "salute unica" di uomo, animali ed ambiente, che appare ulteriormente enfatizzata dalla presunta origine di SARS-CoV-2 dal mondo animale, al pari di quanto avvenuto per i suoi "illustri predecessori" rappresentati dai betacoronavirus della SARS e della MERS (rispettivamente nel 2002-2003 e nel 2012) e, nondimeno, per gli agenti responsabili delle cosiddette "malattie infettive emergenti", che in almeno il 70% dei casi trarrebbero la propria origine – dimostrata o quantomeno sospetta – da uno o più "serbatoi" animali.

A dispetto di quanto sopra, spiace constatare che nel “Comitato Tecnico-Scientifico”, popolarmente noto con l’acronimo CTS, non siede ancora un solo Medico Veterinario, a distanza dei quasi due anni oramai trascorsi dalla sua istituzione!

Giovanni Di Guardo

Gia’ Professore di Patologia Generale e

Fisiopatologia Veterinaria

all’Universita’ di Teramo

Di Guardo: “I vaccini, una vera e propria manna per il mondo intero!”



Sono un veterinario che per quasi 20 anni ha insegnato patologia generale e fisiopatologia veterinaria all’Universita’ di Teramo e, mantenendo fede all’identità culturale appannaggio della categoria professionale cui mi vanto e mi onoro di appartenere,

mi preme sottolineare che la ragion storica all’origine delle Facoltà di Medicina Veterinaria nel Vecchio Continente, nate dapprima in Francia ed in Italia a partire dalla seconda metà del XVIII secolo, si deve alla peste bovina.

Questa malattia, sostenuta da un virus imparentato con quello del morbillo e che illo tempore era causa di gravissime perdite fra le mandrie di mezza Europa, è stata dichiarata

ufficialmente eradicata a livello globale nel 2011 – a distanza di 250 anni esatti dall'istituzione della prima Facoltà di Medicina Veterinaria, fondata nel 1761 a Lione – grazie alle campagne di vaccinazione effettuate sulla popolazione bovina.

Analogamente è toccata al vaiolo, anch'esso debellato su scala planetaria nel 1980 grazie alle vaccinazioni di massa della popolazione umana.

Ai giorni nostri il “nemico pubblico” da combattere si chiama SARS-CoV-2, il betacoronavirus che ha sinora mietuto oltre 5 milioni di vittime nel mondo! Gli efficaci vaccini di cui disponiamo a distanza di un solo anno dall'identificazione del virus – quasi un miracolo (!) – costituiscono, come è ben noto, una formidabile arma nel contrasto alla diffusione di SARS-CoV-2, con particolare riferimento alle forme gravi e ad esito letale di COVID-19.

Di contro, la mancata vaccinazione di ampie fette di popolazione, oltre a “mettere le ali” al virus (come sta avvenendo in diversi Paesi dell'est Europa), si traduce di fatto in un accresciuto rischio di comparsa di nuove varianti, non di rado più contagiose e/o patogene rispetto a quelle circolanti, come chiaramente testimoniato dalle varianti delta, delta plus, lambda e mu, di gran lunga prevalenti e dominanti la scena epidemiologica in molti Paesi se non addirittura in interi Continenti.

In un siffatto contesto, non andrebbe parimenti trascurato il ruolo che gli animali potrebbero giocare nell'insorgenza di nuove varianti virali. Se da un lato, infatti, il range delle specie suscettibili nei confronti dell'infezione naturale e/o sperimentale da SARS-CoV-2 appare in progressiva espansione, come recentemente documentato dai “cervi a coda bianca” (*Odocoileus virginianus*) nella regione nord-orientale degli Stati Uniti d'America, l'emblematico “precedente” rappresentato dagli allevamenti intensivi di visoni nei Paesi

Bassi e in Danimarca (ove ben 17 milioni di questi animali sono stati abbattuti!) dovrebbe essere adeguatamente enfatizzato: nei visoni allevati in questi due Paesi è stata accertata già nel 2020, infatti, la presenza di una nuova variante di SARS-CoV-2, denominata “cluster 5” e contraddistinta dalla mutazione Y453F a livello della glicoproteina “spike” (S), che si sarebbe “selezionata” a seguito della pregressa acquisizione del virus umano da parte dei visoni, che gli stessi avrebbero quindi “restituito” all’uomo.

Repetita iuvant e, cosa non meno importante, Historia magistra vitae!

Giovanni Di Guardo
Già Professore di Patologia Generale e
Fisiopatologia Veterinaria
all’Università di Teramo

Webinar Antimicrobicoresistenza – L’approccio ONE HEALTH al tempo della pandemia da COVID-19



In occasione della giornata europea degli antibiotici il Ministero della Salute, in collaborazione con l'IZS Lazio e Toscana, sede del Centro di Riferenza Nazionale per l'Antibioticoresistenza, organizzano due giorni di lavori su l'Antimicrobicoresistenza,

uno dei fenomeni sanitari più importanti a livello mondiale.

Il 18 e 19 novembre 2021 sarà illustrato lo stato del problema a livello umano, veterinario e ambientale e saranno focalizzate le modalità per un uso prudente degli antibiotici.

L'evento, gratuito, è rivolto tutte le figure professionali del mondo della sanità, per un numero massimo di 200;

Le Iscrizioni vanno fatte entro il 15 novembre tramite Portale della Formazione dell'IZS Lazio e Toscana – <https://formazione.izslt.it>

[Programma preliminare](#)

Preparazione e risposta alle pandemie influenzali: la rete di Epidemic Intelligence Nazionale



L'accordo sancito in Conferenza permanente per i rapporti tra lo Stato, le Regioni e le Province autonome di Trento e Bolzano, il 25 gennaio 2021 sul «[Piano strategico- operativo nazionale di preparazione e risposta a una pandemia influenzale \(PanFlu\) 2021 - 2023](#)» prevede di

disporre di un sistema di *Epidemic Intelligence* Nazionale ossia un sistema che – comprendono tutte le attività volte all'identificazione precoce di rischi in sanità pubblica, la loro validazione, valutazione e indagine – consenta la rapida rilevazione e analisi di informazioni in base alle quali avviare indagini epidemiologiche e azioni di controllo sul territorio per identificare precocemente e monitorare eventi che possano costituire una emergenza internazionale di sanità pubblica.

L'epidemic intelligence combina la sorveglianza basata su eventi e quella basata su indicatori. In Italia il Network Italiano di Epidemic Intelligence, finanziato nell'ambito di una azione centrale del Centro nazionale per la prevenzione e il controllo delle malattie (CCM) costituisce un esempio di questa attività.

Con Decreto Direttoriale del 1° giugno 2021 è stata istituita la Rete di Epidemic Intelligence Nazionale (Rete), composta da analisti formati e certificati dall'Istituto Superiore di Sanità e dal ministero della Salute, designati dai rappresentanti dei servizi sanitari pubblici (Ministero, Iss, Regioni/Pa, Asl, Irccs, ecc.) sul territorio nazionale.

Il Ministero della salute ha diramato una [Circolare](#) per fornire indicazioni operative per l'implementazione della sorveglianza basata su eventi a livello nazionale.