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 sieda 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.

Analoga sorte 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 tralasciato 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
Gia’ Professore di Patologia Generale e
Fisiopatologia Veterinaria
all’Universita’ di Teramo

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

In occasione delle giornata europea degli antibiotici il Ministero della Salute, in collaborazione con l'IZS Lazio e Toscana, sede del Centro di Referenza Nazionale per l'Antibioticoresistenza, organizzano due giorni di lavori su l'Antimicrobicoresistenza, uno dei fenomeni sanitari più importanti a livello mondiale.

ll 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

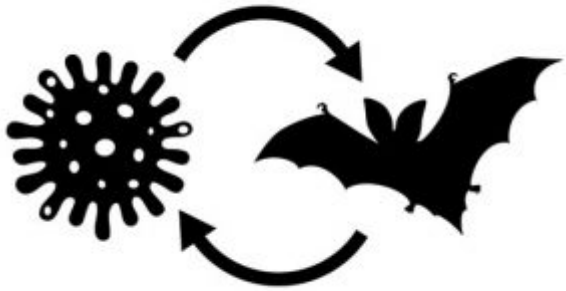
L’accordo sancito in Conferenza permanente per i rapporti tra lo Stato, le Regioni e le Province autonome di Trento e Bolzano, il 25 gennaio 2021 sul «Piano strategico– operativo nazionale di preparazione e risposta a una pandemia influenzale (PanFlu) 2021 – 2023 » prevede di disporre di un sistema di *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.

Covid-19, il lungo viaggio dagli animali all'uomo



Secondo un lavoro appena pubblicato in forma di preprint, ovvero non ancora sottoposto a *peer review* ("revisione tra pari"), il betacoronavirus responsabile della Covid-19, SARS-CoV-2, sarebbe emerso nel 2019 in Cina differenziandosi in due distinti *"lineages"*, A e B, il secondo apparentemente più diffuso rispetto al primo e circolante *ab initio* nell'ormai famoso mercato del pesce di Wuhan, da dove si sarebbe progressivamente propagato al resto del mondo, dando vita alla drammatica pandemia con la quale conviviamo oramai da quasi due anni.

Secondo gli autori del contributo in questione, i due "*lineages*" potrebbero aver tratto origine da un primario ospite o "serbatoio" animale, che molti studiosi identificherebbero nei pipistrelli del genere Rinolophus, analogamente a quanto già accertato per i due coronavirus responsabili della SARS e della MERS.

Qualora l'origine naturale di SARS-CoV-2 – ritenuta più probabile e plausibile rispetto a quella artificiale o "laboratoristica" – dovesse risultare comprovata dalle ricerche future, la comparsa, più o meno contemporanea, di due distinti clusters virali potrebbe recare con sé una serie di intriganti implicazioni: prima fra tutte, non un singolo, bensì due salti di specie (*spillover*) separati che il "progenitore" di SARS-CoV-2 avrebbe compiuto dal mondo animale

all’uomo. Ipotesi affascinante, ma pur sempre un’ipotesi!

I detrattori dell’origine naturale sostengono, di contro, che SARS-CoV-2 abbia avuto origine nei laboratori dell’Istituto di Virologia di Wuhan, dove tre ricercatori avrebbero sviluppato i sintomi della malattia già a novembre 2019, almeno un mese prima che la Cina comunicasse l’avvenuta identificazione del nuovo coronavirus. In verità, una serie di studi condotti in Europa e altrove avevano consentito di rilevare la presenza del virus nella popolazione umana già diversi mesi prima di quella data.

Cosa ci dicono i dati sull’origine del virus

L’origine “laboratoristica” di SARS-CoV-2 viene teorizzata sulla base della cosiddetta “gain of function”, l’acquisizione di nuove funzioni conseguente alle manipolazioni genetiche effettuate in laboratorio. Fra queste rientrerebbe, in primis, la capacità del virus di infettare le nostre cellule e di propagarsi nella nostra specie.

Su questo fondamentale crocevia l’ipotesi dell’origine artificiale si interseca, giustappunto, con quella dell’origine naturale di SARS-CoV-2, che risulterebbe avvalorata da una serie di dati, sia storici che attuali:
– i primi ci rimandano agli agenti responsabili delle cosiddette malattie infettive emergenti, che nel 70% e più dei casi avrebbero una comprovata o sospetta origine animale e, più nello specifico, ai due betacoronavirus della SARS e della MERS, originanti da un serbatoio animale “primario” (pipistrelli) e da un ospite “intermedio” (zibetto e dromedario, rispettivamente);
– per i secondi, invece, l’elevata similitudine genetica (oltre il 96%) che SARS-CoV-2 condivide con altri due coronavirus isolati in Cina dai pipistrelli (RA-TG13 e RmYN02) renderebbe plausibile la sua origine naturale.

Tutto ciò non senza aver posto adeguata enfasi sul lungo

viaggio che in un paio di anni avrebbe portato SARS-CoV-2 a infettare, in condizioni assolutamente naturali, un elevato numero di specie animali domestiche (gatto, cane) e selvatiche (visone, tigre, leone, puma, leopardo delle nevi, lontra, gorilla, cervo a coda bianca), nonché a evolvere in una serie di temibili varianti, quali ad esempio la "cluster 5", che si sarebbe selezionata per l'appunto negli allevamenti di visoni olandesi e danesi, per esser quindi trasmessa dal visone stesso all'uomo.

Giovanni Di Guardo
Già Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso la Facoltà di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Teramo

Lettera pubblicata anche su Il Mattino e su saperescienza.it

One Health per rispondere alle emergenze: il documento dell'ISS alla task force del G20

Rafforzare i piani di prevenzione con un approccio globale tra salute umana, animale e ambientale per fronteggiare possibili future pandemie. E' questo uno degli obiettivi primari del **Policy Brief** *"One Health-Based Conceptual Frameworks for*

Comprehensive and Coordinated Prevention and Preparedness Plans Addressing Global Health Threats" un documento sviluppato dai ricercatori dell'ISS e da un team di esperti internazionali nel quadro della Task Force *Global Health and Covid-19* del T20/G20

La salute umana è strettamente connessa alla salute animale e dell'ambiente, per cui è importante considerare un approccio **One Health** nella prevenzione e nella *preparedness* per affrontare prontamente possibili minacce per la salute emergenti dall'interfaccia uomo-animale-ambiente.

Il Policy Brief esamina gli aspetti ancora deboli dei piani di *preparedness* e discute le strategie di One Health da adottare ed integrare nei piani.

Infine, vengono evidenziati gli aspetti che ancora ostacolano la piena ed efficiente adozione di strategie di One Health e si propongono una serie di raccomandazioni al G20 al fine di condurre azioni concrete in grado di trasformare l'attuale "*momentum*" della One Health in impegni a lungo termine.

La ricerca su questi aspetti contribuirà anche all'attuale necessità di una migliore comprensione degli scenari futuri relativi che considerino la connessione tra degrado naturale e sfruttamento planetario, rischi di spillover e potenziali nuove pandemie.

Fonte: ISS

SARS-CoV-2, aumenta il numero delle specie animali sensibili

E’ di poche settimane fa la notizia relativa alla presenza di anticorpi anti-SARS-CoV-2 – il famigerato coronavirus responsabile della CoViD-19 – in un’elevata percentuale (40%) di “cervi a coda bianca” popolanti la regione nord-orientale degli USA.

Ciò desta preoccupazione per una serie di motivi, come ho anche riferito in una mia “Lettera all’Editore” pubblicata sulla prestigiosa Rivista *BMJ* .

Degna della massima considerazione sarebbe, in primo luogo, l’avvenuta esposizione al virus della succitata popolazione di cervidi, ai quali lo stesso sarebbe stato trasmesso, con ogni probabilità, da uno o più individui SARS-CoV-2-infetti. *In secundis*, la propagazione dell’infezione ad un così ingente numero di esemplari suggerisce che il virus si sarebbe trasmesso all’interno della specie, il cui comportamento gregario ne avrebbe favorito la diffusione.

Numerose sono, altresì, le specie animali domestiche e selvatiche già dichiarate suscettibili nei confronti dell’infezione (naturale e/o sperimentale) da SARS-CoV-2. Fra queste si annoverano gatto, cane, criceto, furetto, leone, tigre, leopardo delle nevi, puma, gorilla, lontra e visone: elenco tutt’altro che esaustivo, ma che già di suo denota la notevole “plasticità” del virus, presumibilmente originatosi da uno o più “serbatoi” animali e capace d’infettare specie

filogeneticamente assai distanti fra loro.

Un discorso a parte in tale ambito lo merita il visone, in cui SARS-CoV-2, una volta acquisito dall'uomo, sarebbe evoluto in una temibile "variante" ("*cluster 5*) per esser quindi "restituito" all'uomo in forma mutata, come è stato dimostrato un anno fa in numerosi allevamenti di visoni olandesi e danesi.

La comprovata capacità d'infettare in condizioni naturali un crescente numero di specie animali domestiche e selvatiche andrebbe pertanto considerata ai fini sia della loro salute e conservazione sia del potenziale sviluppo di nuove varianti di SARS-CoV-2, nella sana ottica della "*One Health*", *alias* la "salute unica" di uomo, animali ed ambiente.

Giovanni Di Guardo
Già Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso la Facoltà di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Teramo

---

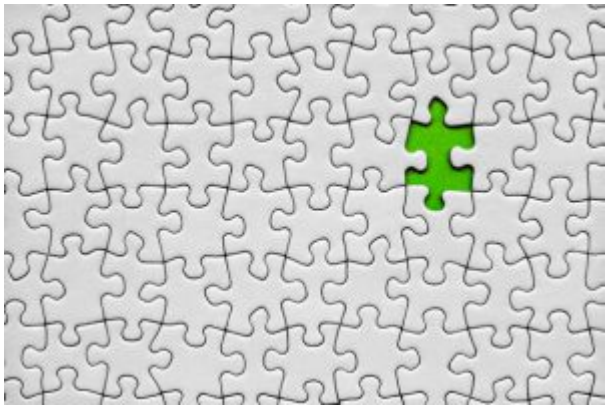
Usda conferma la positività di alcuni cervi a SARS-CoV-2

Il 27 agosto 2021 i National Veterinary Services Laboratories (NVSL) del Dipartimento dell'Agricoltura degli Stati Uniti (USDA) hanno confermato il rilevamento di SARS-CoV-2 in alcuni cervi selvatici dalla coda bianca in Ohio.

Si tratta del primo caso di confermato in tutto il mondo. Studi precedenti avevano dimostrato che i cervi possono essere infettati sperimentalmente dal virus e che alcuni cervi selvatici avevano anticorpi contro il virus.

Il comunicato integrale, in inglese, sul sito USA

No veterinarians (yet) on the Italian covid-19 scientific committee



E' stata pubblicata sulla prestigiosa rivista British Medical Journal (BMJ) la *Letter to the Editor* di Giovanni Di Guardo – già docente di Patologia generale e Fisiopatologia veterinaria nell'Università di Teramo – "*No veterinarians (yet) on the Italian covid-19 scientific committee*", che prende spunto dall'articolo "Covid-19: Failures of leadership, national and global", pubblicato a

giugno sulla rivista stessa.

Nonostante a marzo 2021 vi sia stata una modifica nella composizione, ancora oggi non è presente nel Comitato Tecnico-Scientifico (CTS) – organo al quale competono la consulenza e il supporto alle attività di coordinamento per il superamento dell'emergenza epidemica dovuta alla diffusione di SARS-CoV-2 – un medico veterinario.

Di Guardo sottolinea nuovamente come questa assenza sia un grosso errore, per diverse ragioni: anche se l'origine del coronavirus SARS-CoV-2 è ancora dibattuta, i suoi "predecessori" SARS-CoV e MERS-CoV hannno una comprovata origine animale; inoltre almeno il 70% per cento delle cosiddette "malattie infettive emergenti" ha un'origine animale, accertata o sospetta.

La drammatica pandemia da SARS-CoV-2 ci ha inequivocabilmente insegnato, ancora una volta – ribadisce Di Guardo – che la salute umana, animale e ambientale sono collegate tra loro, un concetto chiaramente esemplificato dal principio "One Health". In quest'ottica la mancata presenza di un veterinario nel CTS risulta difficilemente comprensibile.

ISS: contributi del Dipartimento di Sicurezza

alimentare, nutrizione e sanità pubblica veterinaria per un approccio One Health

Da diversi anni il Dipartimento di Sicurezza alimentare, nutrizione e sanità pubblica veterinaria dell'Istituto Superiore di Sanità organizza attività di formazione e seminari per il personale interno, con l'obiettivo di condividere i risultati delle attività sia scientifiche che istituzionali negli ambiti disciplinari della sicurezza chimica e microbiologica degli alimenti, malattie a trasmissione alimentare, nutrizione, alimentazione e salute, sanità pubblica veterinaria.

La collocazione del Dipartimento all'interno del principale istituto di sanità pubblica nazionale, offre l'opportunità di indirizzare la crescita professionale del personale del Dipartimento all'interno della visione e dell'approccio One Health, il paradigma che riconosce la salute dell'uomo come strettamente connessa a quella degli animali e dell'ambiente e propone uno sguardo ampio e inclusivo del concetto di salute offrendo l'opportunità di una formazione aperta e pronta all'integrazione e alla collaborazione transdisciplinare e interprofessionale

Con la collaborazione dei gruppi di lavoro "Formazione" e "Comunicazione" del Dipartimento vengono ora raccolti in un documento i contributi relativi ad alcuni dei seminari svolti dal Dipartimento nei suoi diversi ambiti di competenza:

INDICE

Premessa
Umberto Agrimi
Relazione sul biomonitoraggio in Europa: il progetto HBM4EU
Stefano Lorenzetti
Valutazione del rischio-beneficio in sicurezza alimentare: elementi chiave emersi durante il corso organizzato dalla Denmark Technical University
Rosangela Tozzoli, Olimpia Vincentini, Angela Sorbo
Epatite E nel mondo animale
Luca De Sabato, Ilaria Di Bartolo
Rotavirus dall'animale all'uomo
Giovanni Ianiro
Sviluppo di un saggio molecolare a supporto della sorveglianza nazionale della Shigellosi in Belgio nel 2018
Eleonora Ventola
Amebe a vita libera patogene (Free-Living Amoebae, FLA)
Margherita Montalbano Di Filippo
(A)cross Campylobacter: cross contamination events at domestic kitchens
Maria João Cardoso
Contaminazione da sostanze perfluoroalchiliche in Veneto: valutazione dell'esposizione alimentare e caratterizzazione del rischio
Francesca Iacoponi, Francesco Cubadda
Ruolo della barriera epiteliale intestinale nelle patologie glutine dipendenti
Olimpia Vincentini
Approcci One Health nella valutazione del rischio delle sostanze utilizzate in mangimistica
Alberto Mantovani, Ivana Purificato
Valutazione mediante audit dei sistemi di gestione della biosicurezza dei laboratori
Renata Borroni, Gianni Ciccaglioni, Rosanna Adone, Antonio Capocefalo, Ilaria Di Bartolo, Rita Di Benedetto, Giovanni Ianiro, Marina Monini, Paola Petrucci, Sergio Sbrenni

Leggi il documento integrale