

AI: una nuova opportunità contro le infezioni antibiotico resistenti?



A partire dalla scoperta e sviluppo della penicillina negli anni '40 del secolo scorso, la ricerca farmacologica ha compiuto progressi inarrestabili per oltre quarant'anni identificando nuove classi di antibiotici, ciascuna con uno specifico meccanismo d'azione, che hanno consentito per decenni di trattare un ampio spettro di infezioni batteriche con successo. Tuttavia, le straordinarie capacità adattative dei patogeni, stimolate da un uso eccessivo e spesso inadeguato degli antibiotici, hanno inaspettatamente portato allo sviluppo di resistenze contro i principali meccanismi molecolari dei farmaci.

Al contempo, all'“età dell'oro” della scoperta antibiotica è seguito un forte rallentamento nella ricerca: l'incapacità di individuare strategie terapeutiche innovative ha contribuito a rendere l'antibiotico resistenza la pandemia silenziosa di questo secolo. Secondo il rapporto dell'ONU [No Time to Wait](#) del 2019, in assenza di un intervento urgente e coordinato a livello globale, le infezioni resistenti potrebbero causare fino a 10 milioni di morti all'anno entro il 2050. Attualmente in Europa si registrano 35.000 decessi

annui legati a queste infezioni, un terzo dei quali in Italia, che si conferma tra i maggiori consumatori di antibiotici.

Come riporta l'AIFA, l'agenzia del farmaco, nel suo [Rapporto nazionale sull'uso degli antibiotici in Italia](#) relativo all'anno 2023, nella nostra penisola si osserva un preoccupante incremento del 5,4% nel consumo di antibiotici a uso sistematico e del 4,3% attraverso le altre vie di somministrazione rispetto all'anno precedente. Si tratta dunque di una sfida non più rinviabile, per la quale è urgente dotarsi di nuovi strumenti. E l'intelligenza artificiale potrebbe rivelarsi l'alleato che finora è mancato.

La vista lunga dell'algoritmo

Da circa un decennio, infatti, la ricerca scientifica sfrutta modelli di AI per sviluppare nuove strategie terapeutiche. Gli algoritmi più utilizzati si basano su modelli matematici in grado di elaborare grandi volumi di dati: partendo da dataset contenenti migliaia di molecole ad attività nota, il sistema è capace di individuare le porzioni molecolari responsabili dell'attività contro determinati target terapeutici, prevederne le interazioni nell'organismo in termini di efficacia e tossicità, ed eventualmente generare, sulla base delle informazioni acquisite, strutture molecolari ex novo potenzialmente attive. I modelli più comunemente usati si basano su metodi tradizionali di apprendimento automatico (Machine Learning, ML). Gli algoritmi riescono a riconoscere le caratteristiche strutturali importanti e a prevedere come queste molecole interagiranno con l'organismo, in termini di efficacia o tossicità. Questo permette di ridurre drasticamente la necessità di testare ogni singola molecola in laboratorio, con un grande vantaggio in termini di costi e tempi.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: scienzainrete.it

Circa il 9% della superficie terrestre è ad elevato rischio di focolai zoonotici



Durante la pandemia da **Covid-19** abbiamo imparato a familiarizzare con il concetto di **“zoonosi”**, malattie che possono essere trasmesse dagli animali agli esseri umani attraverso il famoso **“salto di specie”**. Un fenomeno che ha molto a che fare con il cambiamento climatico e con le attività antropiche, che in modi diversi favoriscono il contatto fra specie selvatiche e specie domestiche o da allevamento, e quindi con l'essere umano. Nel corso di uno [studio](#) pubblicato su *Science Advances*, un gruppo di ricercatrici e ricercatori ha analizzato l'influenza che fattori climatici, ambientali e relativi alla densità di popolazione hanno avuto in passato sullo sviluppo di focolai zoonotici a livello globale.

In particolare, il team di ricerca ha preso in esame le malattie inserite dall'OmS (Organizzazione Mondiale della Sanità) nella “list of priority diseases”, poiché considerate dagli esperti come un potenziale rischio per la salute pubblica a causa della loro contagiosità o dell'assenza di vaccini e altre misure per contrastarne la diffusione. Dai risultati è emerso che **circa il 9,3% della superficie terrestre presenta un rischio alto (6,3%) o molto alto (3%) di focolai zoonotici**, che interessa soprattutto l'**America Latina e l'Oceania**.

[Leggi l'articolo](#)

West Nile, l'ennesimo esempio di una narrazione omissiva e di parte



Da patologo veterinario oltre che da docente universitario che ha dedicato 35 anni della propria vita professionale allo studio delle malattie infettive, con particolare riferimento a quelle trasmissibili dagli animali all'uomo – alias zoonosi –, sono stato molto colpito

dalla narrazione mediatica che si sta svolgendo in questi giorni a seguito del decesso, in provincia di Latina, di una donna ultraottantenne affetta da "West Nile". Stiamo parlando di una malattia sostenuta da un flavivirus neurotropo trasmesso principalmente da zanzare del genere *Culex*, la cui sempre più diffusa presenza a latitudini via via più settentrionali rappresenterebbe una diretta conseguenza del riscaldamento globale. E' bene chiarire, al riguardo, che le zanzare virus-infette costituirebbero una piccolissima frazione di quelle presenti nell'ambiente (1 su circa 30.000) ed è pure bene precisare che la West Nile e' una zoonosi, il cui agente causale può anche essere trasmesso sia per via materno-fetale sia con il latte materno. E' bene sottolineare, infine, che il virus della West Nile, caratterizzato dal piu' ampio spettro d'ospite finora descritto in natura, sarebbe capace d'infettare centinaia di vertebrati domestici e selvatici, ivi compresi mammiferi, uccelli, rettili ed anfibi.

A fronte di tutto ciò e come già avvenuto per la pandemia da CoViD-19, la narrazione mediatica della West Nile e' stata ancora una volta affidata ai medici, senza il benché minimo coinvolgimento dei colleghi veterinari e, nondimeno, per buona pace della "One Health", la salute unica di uomo, animali ed ambiente.

Errare humanum est perseverare autem diabolicum!

Giovanni Di Guardo

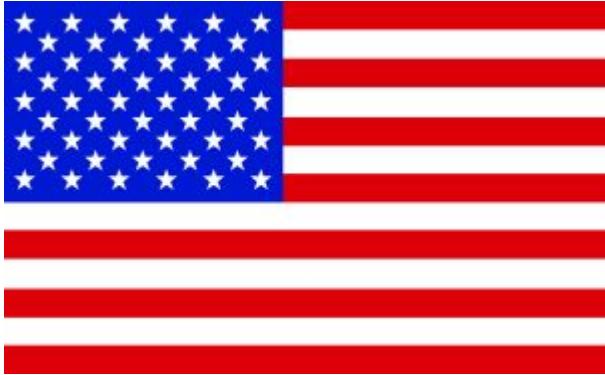
DVM, Dipl. ECVP,

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

Un [contributo del Prof. Di Guardo sull'argomento è stato pubblicato sulla prestigiosa Rivista Nature](#) (vol 645, 2 settembre 2025)

Premio Nobel per la pace a Donald Trump? Uno scandalo senza precedenti!

"Si vis pacem para bellum" ("Se vuoi la pace preparati alla



guerra") è la celebre frase attribuita a Flavio Vegezio Renato, uno scrittore militare romano che visse fra il IV e il V secolo d.C. Coerentemente con tale premessa, Donald Trump di recente ha chiesto e ottenuto dai Paesi della Nato l'impegno ad investire, entro il 2035, il 5% del PIL in spese militari. Stiamo parlando di colui che, a sole 24 ore di distanza dall'avvio del secondo mandato presidenziale lo scorso 20 Gennaio, avrebbe fatto cessare, a suo dire, i sanguinosi conflitti in atto nel mondo! Sono passati ben 6 mesi da allora, senza che le armi degli eserciti russo e israeliano abbiano taciuto sia nella martoriata Ucraina sia nell'altrettanto martoriata Gaza! E questo signore, che nel frattempo ha ritirato gli USA dall'Organizzazione Mondiale della Sanità, azzoppando al contempo il virtuoso sistema della ricerca di prestigiosi atenei come Harvard, continua imperterrita a strizzare l'occhio a Benjamin Netanyahu, legittimandone le disumane e folli azioni di guerra, che parimenti si svolgono nella pressoché totale inerzia da parte dell'ONU e dell'Europa intera! Come si sdebita il Presidente israeliano? Candidando Donald Trump al Premio Nobel per la Pace, uno scandalo senza precedenti!

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

Malattie infettive umane ed animali: Prevenire e' meglio che curare!



Abbracciare con uno sguardo d'insieme le malattie infettive umane ed animali costituisce un'impresa tutt'altro che agevole, viste le grandi e molteplici differenze che caratterizzano i rispettivi agenti patogeni, da un lato, e le variegate strategie difensive elaborate dall'ospite nei loro confronti, dall'altro.

A tal proposito, mentre la pandemia da CoViD-19 ci ha consegnato una lezione oltremodo eloquente ed un'eredità quantomai gravosa, andrebbe parimenti sottolineato, al contempo, che il 75% delle c.d. "malattie infettive emergenti" trarrebbero la propria origine, comprovata o presunta, da uno o più serbatoi animali (Casalone & Di Guardo, 2020).

Come risulta ben noto, i virus a RNA quali ad esempio quelli influenzali e lo stesso betacoronavirus SARS-CoV-2, responsabile della CoViD-19, sarebbero gli agenti infettivi più soggetti a sviluppare mutazioni genetiche, il che consentirebbe loro sia di bypassare le risposte immunitarie dell'ospite sia di adattarsi a nuove specie, come sta avvenendo giustappunto con il clade 2.3.4.4b del virus dell'influenza aviaria ad alta patogenicità A(H5N1) (Di Guardo, 2025a).

La mutagenicità degli RNA-virus e, più in generale, di qualsivoglia agente patogeno, virale e non, potrebbe risultare ulteriormente accresciuta da una prolungata esposizione dei

medesimi sia alle radiazioni solari che a quelle nucleari, evenienza quest'ultima che i drammatici teatri bellici in Ucraina così come nel Vicino-Medio Oriente contribuirebbero a rendere quantomai attuale e plausibile al contempo (Di Guardo, 2025b).

In un siffatto contesto andrebbe altresi' tenuta in debita considerazione pure la marcata resistenza ambientale di determinati microrganismi quali ad esempio il virus del vaiolo delle scimmie (MPXV), che nel corso di questi ultimi anni si è reso responsabile di migliaia di casi di malattia nell'uomo in oltre 100 Paesi. Infatti, a seguito dei fenomeni meteo-climatici estremi che con sempre maggior frequenza ci e' dato osservare ad ogni latitudine e longitudine per via della crisi climatica globale, sia MPXV sia numerosi altri agenti, virali e non, dotati di elevata resistenza ambientale, potrebbero essere trasferiti a notevole distanza dal luogo in cui si e' verificata la loro eliminazione ad opera di individui infetti (Di Guardo, 2024).

Mi preme sottolineare, al riguardo, che il ruolo degli eventi meteo-climatici nella diffusione degli agenti infettivi, pur configurandosi come un fattore di rilevanza crescente, non sembrerebbe godere, al momento, della considerazione che lo stesso meriterebbe nello svolgimento delle indagini eco-epidemiologiche mirate a chiarire l'origine dei vari focolai di malattie infettive umane ed animali.

Sulla base di quanto sin qui esposto, appare dunque di cruciale importanza prevenire l'insorgenza e la diffusione delle malattie infettive umane ed animali sia attraverso adeguate campagne di vaccinazione di massa sia tramite lo sviluppo di modelli matematici in grado di prevederne l'evoluzione e, nondimeno, in un'ottica multidisciplinare e di stretta collaborazione intersetoriale fra Medicina Umana e Medicina Veterinaria, costantemente permeata dal principio della "One Health", la salute unica di uomo, animali ed ambiente.

Bibliografia citata

Casalone C., Di Guardo G. (2020). CoViD-19 and mad cow disease: So different yet so similar. Science.

DOI:<https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb6105#elettersSection>.

Di Guardo G. (2024). Consideration of environmental aerosols. Veterinary Record 194(3):119.

DOI:10.1002/vetr.3930.

Di Guardo G. Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus: How Far Are We from a New Pandemic? (2025a). Veterinary Sciences 12(6):566.

DOI:10.3390/vetsci12060566.

Di Guardo G. (2025b). Nuclear catastrophes: Have we truly learned from history? BMJ.

DOI:<https://www.bmjjournals.org/content/388/bmj.r319/rr-5>.

Giovanni Di Guardo, DVM, Dipl. ECVP,

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

Influenza aviaria: l'EFSA analizza la situazione negli

USA e individua le possibili vie di diffusione in Europa



La migrazione stagionale degli uccelli selvatici e l'importazione di alcuni prodotti statunitensi, come quelli contenenti latte crudo, potrebbero costituire potenziali vie di introduzione in Europa del genotipo dell'influenza aviaria ad alta patogenicità (HPAI) che attualmente colpisce le vacche da latte statunitensi, secondo un nuovo rapporto pubblicato dall'EFSA. Finora questo tipo di virus non è stato segnalato in nessun altro Paese oltre agli Stati Uniti.

Gli scienziati dell'EFSA sottolineano che i principali punti di sosta in Europa dove si concentrano grandi popolazioni di uccelli come l'Islanda, la Gran Bretagna, l'Irlanda, la Scandinavia occidentale e le grandi zone umide come il Mare dei Wadden sulle coste olandesi, danesi e tedesche, sarebbero luoghi utili per l'individuazione precoce del virus durante la migrazione stagionale degli uccelli selvatici.

Il rapporto affronta anche la possibilità che il virus venga introdotto in Europa attraverso scambi commerciali, concludendo che l'importazione di prodotti a base di latte crudo provenienti dalle zone colpite degli Stati Uniti non può essere completamente esclusa, il che potrebbe quindi costituire una possibile via d'ingresso. Anche l'importazione di vacche da latte e di carne bovina potrebbe essere una potenziale via di introduzione del virus. Tuttavia il virus è stato raramente rilevato nella carne, le importazioni di animali sono molto limitate e sono in vigore norme commerciali molto severe per la carne e gli animali vivi che entrano nell'UE.

Il rapporto dell'EFSA fornisce anche una panoramica della

situazione negli Stati Uniti, dove tra marzo 2024 e maggio 2025 sono stati colpiti 981 allevamenti da latte in 16 Stati. Il rapporto, che è stato esaminato dalle autorità statunitensi, sottolinea che i movimenti del bestiame, l'insufficiente biosicurezza e la condivisione di attrezzature agricole hanno contribuito alla diffusione del virus.

Entro la fine dell'anno l'EFSA valuterà il potenziale impatto dell'ingresso di questo genotipo HPAI in Europa e raccomanderà misure per prevenirne la diffusione.

Atti scientifici di riferimento

[Risk posed by the HPAI virus H5N1, Eurasian lineage goose/Guangdong clade 2.3.4.4b. genotype B3.13, currently circulating in the US](#)

Fonte: EFSA

Approcci intelligenti per migliorare la prevenzione delle malattie animali



Una potente piattaforma online liberamente disponibile basata sulla scienza dei dati e sulla modellazione può aiutare l'Europa a prepararsi meglio alle malattie infettive emergenti.

I cambiamenti climatici e la circolazione globale di persone e merci hanno aumentato il rischio di malattie. La pandemia di

COVID-19 ha inoltre evidenziato la necessità di migliorare i sistemi di sorveglianza e di intelligence epidemica per l'individuazione precoce, il monitoraggio e la valutazione delle malattie infettive emergenti. Uno dei principali problemi da affrontare è legato al fatto che i sistemi di sorveglianza delle malattie attuali si basano su dati raccolti di routine, come quelli di sorveglianza passiva, per monitorare l'insorgenza e la diffusione delle malattie e per definire risposte adeguate. Nuovi approcci che incorporano l'intelligenza artificiale (IA), l'apprendimento automatico e l'analisi dei big data provenienti da un'ampia serie di fonti potrebbero contribuire a migliorare la preparazione, aiutando a determinare meglio i fattori legati all'insorgenza delle malattie e consentendo lo sviluppo di modelli più accurati.

Rispondere alle minacce di malattie infettive

Un buon esempio è il progetto [MOOD\(si apre in una nuova finestra\)](#), finanziato dall'UE. Attraverso la raccolta e l'estrazione di dati con l'ausilio dell'apprendimento automatico, questa iniziativa ha sviluppato una piattaforma digitale unica nel suo genere, progettata per potenziare la capacità dell'Europa di individuare e rispondere alle minacce delle malattie infettive attraverso un approccio «One Health». «Il nostro obiettivo era portare strumenti complessi di scienza dei dati e di modellazione direttamente nelle mani di chi si occupa di ricerca e valutazione dei rischi per prendere decisioni scientifiche sulla salute pubblica», spiega la coordinatrice del progetto Elena Arsevska, del [Centro francese di ricerca agricola per lo sviluppo internazionale\(si apre in una nuova finestra\)](#) (CIRAD) con sede in Francia. MOOD ha impiegato metodi matematici, statistici e di scienza dei dati nell'infrastruttura della piattaforma e ha integrato algoritmi di apprendimento automatico per generare mappe di rischio predittive per le malattie. Inoltre, il consorzio ha incorporato lo strumento PADI-web, che usa l'elaborazione del linguaggio naturale per scansionare, estrarre e analizzare

automaticamente le informazioni relative alle malattie dai media online, per contribuire alla sorveglianza basata sugli eventi.

[Continua a leggere su Cordis](#)

Origini del Covid. La zoonosi è l'ipotesi più probabile ma non si esclude l'incidente di laboratorio. Il rapporto dell'Oms



L'Organizzazione Mondiale della Sanità, attraverso il gruppo di esperti SAGO (Scientific Advisory Group for the Origins of Novel Pathogens), ha pubblicato un'attesa relazione indipendente sull'origine del virus SARS-CoV-2. A oltre cinque anni dalla comparsa dei primi casi a Wuhan, in Cina, il report non fornisce ancora una risposta definitiva, ma offre un'analisi scientifica articolata delle evidenze disponibili, delineando due principali ipotesi in esame e le lacune che ancora impediscono una conclusione certa.

La relazione nasce da un mandato chiaro: comprendere come e dove SARS-CoV-2 sia passato agli esseri umani. È un'esigenza

non solo scientifica ma anche etica, volta a prevenire future pandemie. SAGO ha operato in modo indipendente, analizzando migliaia di dati pubblicati e non, documenti governativi e interviste a esperti. Tuttavia, sottolinea di non aver potuto accedere a dati grezzi cruciali, in particolare da laboratori cinesi.

Le quattro ipotesi valutate

Nel report vengono analizzate quattro ipotesi principali:

- Spillover zoonotico naturale, da un animale selvatico all'uomo, con o senza ospite intermedio.
- Incidente in laboratorio, attraverso esposizione diretta o fallimento delle misure di biosicurezza.
- Trasmissione da catena del freddo, da prodotti animali importati contaminati.
- Manipolazione intenzionale, tramite ingegneria genetica seguita da un rilascio accidentale.

Sulle ipotesi 3 e 4, la relazione è chiara: al momento non ci sono evidenze scientifiche che le supportino. La trasmissione tramite prodotti congelati è ritenuta molto improbabile, mentre la manipolazione intenzionale del virus è giudicata non corroborata da dati genomici o esperimenti noti.

Le ipotesi più plausibili

Le due ipotesi ritenute più solide sul piano scientifico restano:

Spillover zoonotico naturale (ipotesi 1): supportata dalla maggior parte delle evidenze disponibili, anche se non ancora provata in via definitiva. Il virus è geneticamente simile a ceppi rinvenuti in pipistrelli in Cina e Laos (es. BANAL-52 e RaTG13), seppur troppo distanti per essere considerati precursori diretti. Metagenomica e tracciamenti ambientali al mercato Huanan di Wuhan (HSM) hanno confermato la presenza di animali suscettibili al virus (come il cane procione) e tracce genetiche del virus stesso su superfici di bancarelle.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: quotidianosanita.it

Aumentare la sicurezza alimentare in Europa con l'innovazione digitale



In un mondo di filiere alimentari sempre più complesse e globalizzate, garantire la sicurezza degli alimenti è un compito impegnativo. I rischi emergenti, dalle epidemie microbiche alle contaminazioni chimiche, mettono costantemente a dura prova i sistemi alimentari. In risposta, il progetto [FoodSafeR](#)(si apre in una nuova finestra), finanziato dall'UE, ha riunito 19 organizzazioni accademiche, di ricerca e industriali di tutta Europa per sviluppare strumenti digitali all'avanguardia in grado di affrontare questa sfida.

Sfruttare l'IA per i rischi emergenti

«FoodSafeR intendeva fornire un sistema proattivo per rilevare e gestire i rischi emergenti per la sicurezza alimentare»,

spiega Lauren Alteio, scienziata del [Centro di competenze austriaco per la qualità, la sicurezza e l'innovazione del mangime e degli alimenti](#)(si apre in una nuova finestra) (FFoQSI). «Non ci limitiamo però a monitorare i rischi, ma cerchiamo di prevenirli.» L'équipe ha applicato l'intelligenza artificiale (IA) ad alcuni casi di ricerca, tra cui l'uso di algoritmi di apprendimento automatico in approcci bioinformatici per casi d'uso microbiologici e l'analisi di dati derivati da immagini satellitari per indagare la contaminazione da micotossine nelle colture. Il progetto ha inoltre usato l'apprendimento automatico e l'elaborazione del linguaggio naturale per analizzare i dati multimediali e scientifici alla ricerca di segnali precoci di rischi emergenti, al fine di aiutare i professionisti a rispondere in modo rapido e sicuro. Grazie a questo lavoro, il progetto ha sviluppato un quadro di riferimento per rilevare il modo in cui le minacce alla sicurezza alimentare cambiano sotto pressione. «Abbiamo identificato degli indicatori che ci hanno permesso di seguire il comportamento di una minaccia nel tempo, essenziale per una risposta a breve termine e una prevenzione a lungo termine», spiega Alteio. Questi approfondimenti sono stati poi integrati in [strumenti digitali](#)(si apre in una nuova finestra) e [raccomandazioni politiche](#)(si apre in una nuova finestra) sia per gli operatori che per i legislatori. Finora sono stati indagati a fondo quattro scenari di minaccia microbica e quattro scenari di minaccia chimica, aiutando i ricercatori a capire come cambiano i rischi e come rispondere in modo efficace.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: Commissione Europea

Pubblicate le nuove Linee Guida per la Corretta Colostratura dei Vitello



A tutela del benessere dei vitelli e a seguito dei risultati emersi da progetti di ricerca condotti dal *Centro di Referenza Nazionale per il Benessere Animale* in collaborazione con altri IIZZSS (IZS del Piemonte, Liguria e

Valle d'Aosta, IZS del Mezzogiorno e IZS delle Venezie) e con la ATS di Brescia, il Ministero della Salute ha ritenuto necessario richiedere specifiche Linee Guida sulla corretta colostratura del vitello, sia bovino che bufalino, destinate ai Veterinari ufficiali, ai liberi professionisti e agli allevatori. L'obiettivo è fornire uno strumento tecnico operativo di supporto all'applicazione del D.Lgs 126/2011 e delle recenti ordinanze emesse dal Ministero (0008590-25/03/2025-DGSAF-MDS-P e 0014259- DGSAF-MDS-P) sui controlli Ufficiali per la tutela del benessere dei vitelli nel primo mese di vita in allevamenti da latte e centri di raccolta.

Le [Linee Guida per la corretta Colostratura del Vitello](#) sono state redatte dal *Centro di Referenza Nazionale per il Benessere Animale* (CReNBA), in collaborazione con il *Centro di Referenza Nazionale sull'Igiene e le Tecnologie dell'Allevamento e delle Produzioni Bufaline* (CReNBuf).

Il documento nasce dallo studio della più recente bibliografia scientifica sull'argomento e dall'esperienza raccolta direttamente sul campo nei progetti di ricerca citati.

Le linee guida e note ministeriali sono consultabili integralmente nella [sezione Formazione](#) del sito ufficiale del CReNBA.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: IZS Lombardia Emilia Romagna