



Kick Off Meeting



Applicazione dell'epidemiologia molecolare per osservare filogeneticamente virus e batteri isolati da differenti ambienti e correlarli con le differenti patologie

Francesco Branda, PhD
Adjunct professor, Statistica Medica

Unità di Ricerca di Statistica Medica, Epidemiologia Molecolare
Università Campus Bio-Medico di Roma



- **Indagini su Microbiota:** L'applicazione dell'epidemiologia molecolare sarà utile per osservare filogeneticamente virus e batteri isolati da differenti ambienti e metterli in correlazione alle differenti patologie anche in ordine geografico e determinare tramite analisi del genoma dei ceppi virali quali e di che tipo (specie e sottospecie) siano presenti ad oggi nella popolazione.
- L'analisi epidemiologico-molecolare sarà utile per poter individuare in tempo reale nuove sottospecie dei microrganismi che si potrebbero generare negli ambienti confinati e non sotto osservazione. In particolare l'epidemiologia molecolare sarà utile, per il controllo e l'eradicazione di un evento epidemico, come possono essere le infezioni nosocomiali. Un'analisi statistica sulla frequenza e localizzazione geografica può indicare l'insorgenza di un nuovo cluster infettivo di importanza epidemiologica.
- **Formazione:** Supporto alla formazione e sviluppo di professionalità e competenze specialistiche in Epidemiologia e biostatistica.



IL TEAM **UCBM** per la Salute



Kick Off Meeting

Team di lavoro

- Massimo Ciccozzi
- Francesco Branda
- Marta Giovanetti
- Fabio Scarpa
- Viola Bilotti
- Alessandra Ciccozzi
- Francesca Pastena

Collaborazioni scientifiche

- ✓ Istituto Superiore di Sanità
- ✓ National Science Fund (NSF) of the Ministry of Education and Science; Bulgaria
- ✓ Institute of Human Virology, Department of Biochemistry and Molecular Biology, School of Medicine, University of Maryland, Baltimore, USA
- ✓ National Institute of Health of Montenegro
- ✓ University of Florida (Dipartimento di Patologia clinica)
- ✓ WHO come consulenza per i sistemi di sorveglianza delle malattie infettive
- ✓ University of Izmir, Turchia



Francesco Branda, Statistica medica ed Epidemiologia molecolare, Campus Bio-Medico di Roma

WP1 La biodiversità di virus e batteri quali biomarcatori della salute come valutazione dell'impatto degli inquinanti ambientali

OBIETTIVI SPECIFICI (Obj)

Obj1 - Sequenziamento completo e analisi del genoma del microrganismo

Il sequenziamento completo del genoma del microrganismo sarà effettuato utilizzando la tecnologia NGS (Next-Generation Sequencing). I campioni saranno prelevati sia da pazienti infetti che da ambienti locali. Dopo l'estrazione del genoma e la preparazione della libreria, il sequenziamento sarà eseguito con l'Illumina MiSeq. Le letture verranno elaborate per qualità e lunghezza, quindi assemblate utilizzando genomi di riferimento. I dati NGS saranno analizzati con algoritmi bioinformatici per identificare varianti e sottospecie, permettendo di tracciare l'evoluzione del microrganismo nell'area geografica studiata.

WP1 La biodiversità di virus e batteri quali biomarcatori della salute come valutazione dell'impatto degli inquinanti ambientali

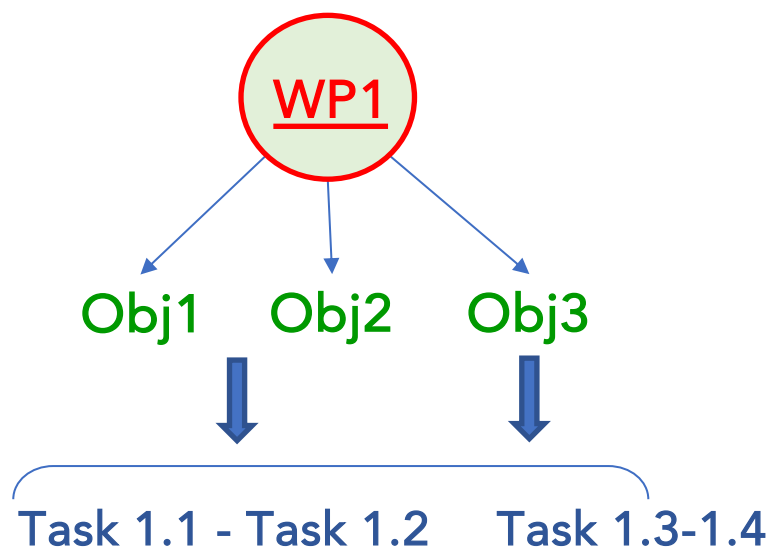
Obj2 - Analisi filogenetiche e tracciamento della trasmissione del microrganismo

Le analisi filogenetiche saranno condotte per comprendere la diversità genetica del microrganismo e tracciare la trasmissione dei ceppi sul territorio nazionale, mappandone la distribuzione geografica e temporale. Questo permetterà di identificare i pattern di variabilità che discriminano le principali clade, potenzialmente correlati a differenze di virulenza o patogenicità, e di delineare la diffusione di eventuali epidemie. I dati genomici saranno integrati con quelli epidemiologici per supportare le valutazioni epidemiologiche. Inoltre, il progetto mira a sviluppare un workflow per analizzare un gran numero di campioni, facilitando il monitoraggio dei cluster epidemiologici e l'identificazione rapida di nuove varianti e sottospecie, migliorando la diagnosi e riducendo i falsi negativi.

WP1 La biodiversità di virus e batteri quali biomarcatori della salute come valutazione dell'impatto degli inquinanti ambientali

Obj3 - Creazione di un dataset di riferimento

Sarà creato un dataset di riferimento contenente sequenze di vari lineaggi di microrganismi circolanti nelle aree di interesse e usufruibile dall'intera comunità. Questo dataset sarà integrato con dati clinici, epidemiologici e demografici dei pazienti, fornendo una risorsa completa per identificare e analizzare la diversità genetica e le relazioni evolutive dei microrganismi, e per tracciare l'evoluzione e la trasmissione del microrganismo, permettendo di identificare cluster di trasmissione e varianti emergenti. Le potenzialità del dataset includono il miglioramento della sorveglianza epidemiologica, l'identificazione di nuovi ceppi e la comprensione delle dinamiche di trasmissione, contribuendo a risposte più efficaci a eventuali epidemie e migliorando la precisione delle diagnosi e delle strategie di controllo.



- **Indicatori di risultato:** Numero di protocolli adeguati al contesto territoriale
- **Indicatori di progresso:** Incremento percentuale del numero di microrganismi classificati filogeneticamente

Task 1.1 Tecniche e metodologie in uso

- *Descrizione task:* In questo task si prevede l'implementazione di tecniche avanzate di sequenziamento genomico e bioinformatica. Saranno sviluppati protocolli per l'estrazione del DNA e l'analisi bioinformatica utilizzando strumenti come MAFFT per l'allineamento delle sequenze e applicazioni software come IQ-TREE per analisi filogenetiche.

Task 1.2 Attrezzature: implementazione laboratorio

- *Descrizione task:* Questo task prevede l'acquisto e l'installazione delle attrezzature necessarie per il laboratorio come server o workstation per l'analisi dei dati con software come R e Python installati e sistemi di stoccaggio dati, per gestire e archiviare grandi volumi di dati genomici.

Task 1.3 Produzione dati

- *Descrizione task:* Durante questo periodo, verranno raccolti e prodotti dati attraverso il sequenziamento di campioni di microrganismi. Si prevede di analizzare campioni provenienti da pazienti infetti e da ambienti locali. Le tecniche utilizzate includeranno: (i) raccolta di dati genomici da campioni di sangue, tessuti e ambienti; (ii) integrazione di dati clinici e demografici con i dati genomici per costruire un dataset robusto; (iii) implementazione di protocolli per il campionamento regolare e il monitoraggio dei cluster epidemiologici

Task 1.4 Analisi dati

- *Descrizione task:* Questo task si concentrerà sull'analisi e l'interpretazione dei dati raccolti. Saranno utilizzate tecniche statistiche e filogenetiche per analizzare la diversità genetica e i pattern di trasmissione. Esempi di tecniche includono: l'uso di IQ-TREE per costruire alberi filogenetici e analizzare la diversità genetica; applicazione di tecniche per stimare le dinamiche di trasmissione e la variabilità nel tempo; utilizzo di test come ANOVA e Kruskal-Wallis per valutare significatività e variazioni nei dati clinici e epidemiologici.

WP2 Formazione specialistica in epidemiologia molecolare e biostatistica

Obj1 – Bioinformatica applicata all'evoluzione molecolare e filogenesi degli agenti infettivi

Il corso si propone l'obiettivo di preparare i discenti alla conoscenza delle basi statistiche e matematiche e all'impiego delle tecniche bioinformatiche di base per l'analisi filogenetica applicata allo studio dell'epidemiologia molecolare e dell'evoluzione molecolare degli agenti causa di infezione.

Il corso è rivolto a laureati in materie scientifiche che operano o intendono operare nel campo della salute umana o animale, in ambiente pubblico o privato, interessati alla conoscenza e alla applicazione dell'analisi filogenetica allo studio dell'epidemiologia (ad esempio: ricostruzione di genotipi e sottotipi, riconoscimento dell'origine di epidemie), prevenzione (studio dei mutanti "escape", studio di epitopi microbici), diagnosi (identificazione di varianti specifiche patogene) e trattamento (identificazione di mutanti resistenti ai farmaci) delle malattie infettive.

WP2 Formazione specialistica in epidemiologia molecolare e biostatistica

Obj2 – Corso di epidemiologia e statistica medica

Il corso si compone di diverse lezioni, che illustreranno il funzionamento del software e forniranno un'introduzione al linguaggio di programmazione R. Saranno trattati anche l'uso delle principali librerie del linguaggio per eseguire statistiche descrittive, analisi inferenziali e nozioni di statistica sanitaria, incluse le misure di rischio.

Le lezioni successive saranno dedicate alla preparazione di un elaborato, composto da 60 task, che gli studenti dovranno completare in autonomia con il supporto del docente presente in aula.

Epidemiologia ‘



«discorso riguardo alla popolazione»

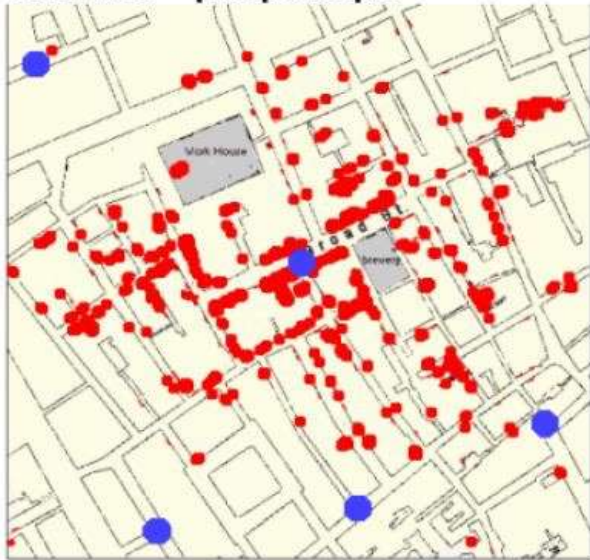
Studio della **frequenza, distribuzione e determinanti** di
salute/malattia in popolazioni

Cenni storici...

- ✓ Ippocrate (V sec a.C.): osservò che alcune patologie umane erano correlate a condizioni ambientali o individuali
- ✓ John Graunt (1662): pubblicò un'analisi della mortalità e natalità a Londra, soffermandosi sulle differenze per sesso, età e stagionalità
- ✓ William Farr (1800 circa): elaborò un sistema di raccolta dei certificati di morte, imponendo la segnalazione della causa accanto ai dati anagrafici
- ✓ John Snow (1854 circa): svolse indagini epidemiologiche sul colera quando ancora non era noto l'agente eziologico

Uno studio sulla distribuzione geografica dei casi di morte per colera nelle prossimità di Golden Square a Londra, dimostrò una diretta correlazione con l'utilizzo della pompa d'acqua in Broad Street

Epidemia di Londra, 1854.
barre rosse = morti
cerchi blu = pompe acqua



Snow confrontò i casi di morte di questo quartiere con quelli di quartieri serviti da altre compagnie e concluse che, a parità di ulteriori parametri, la differenza poteva essere rappresentata solo dall'acqua, che la compagnia idrica in questione attingeva in un punto particolarmente inquinato dalle acque nere; una volta disattivata la pompa non si presentarono nel quartiere altri casi di colera.

- Limiti degli studi di epidemiologia classica:
 - si limitano a studiare il nesso causale tra una determinata esposizione e l'insorgenza di una malattia
 - spesso la stima dell'esposizione è affidata alle risposte di un questionario (ed è quindi difficile verificarne la veridicità)
 - i risultati ottenuti non tengono conto della interazione tra esposizione a genotossici e suscettibilità genetica dell'ospite

Esposizione



Black box

Malattia



**THE MORTALITY OF DOCTORS IN RELATION
TO THEIR SMOKING HABITS**

A PRELIMINARY REPORT

BY

RICHARD DOLL, M.D., M.R.C.P.

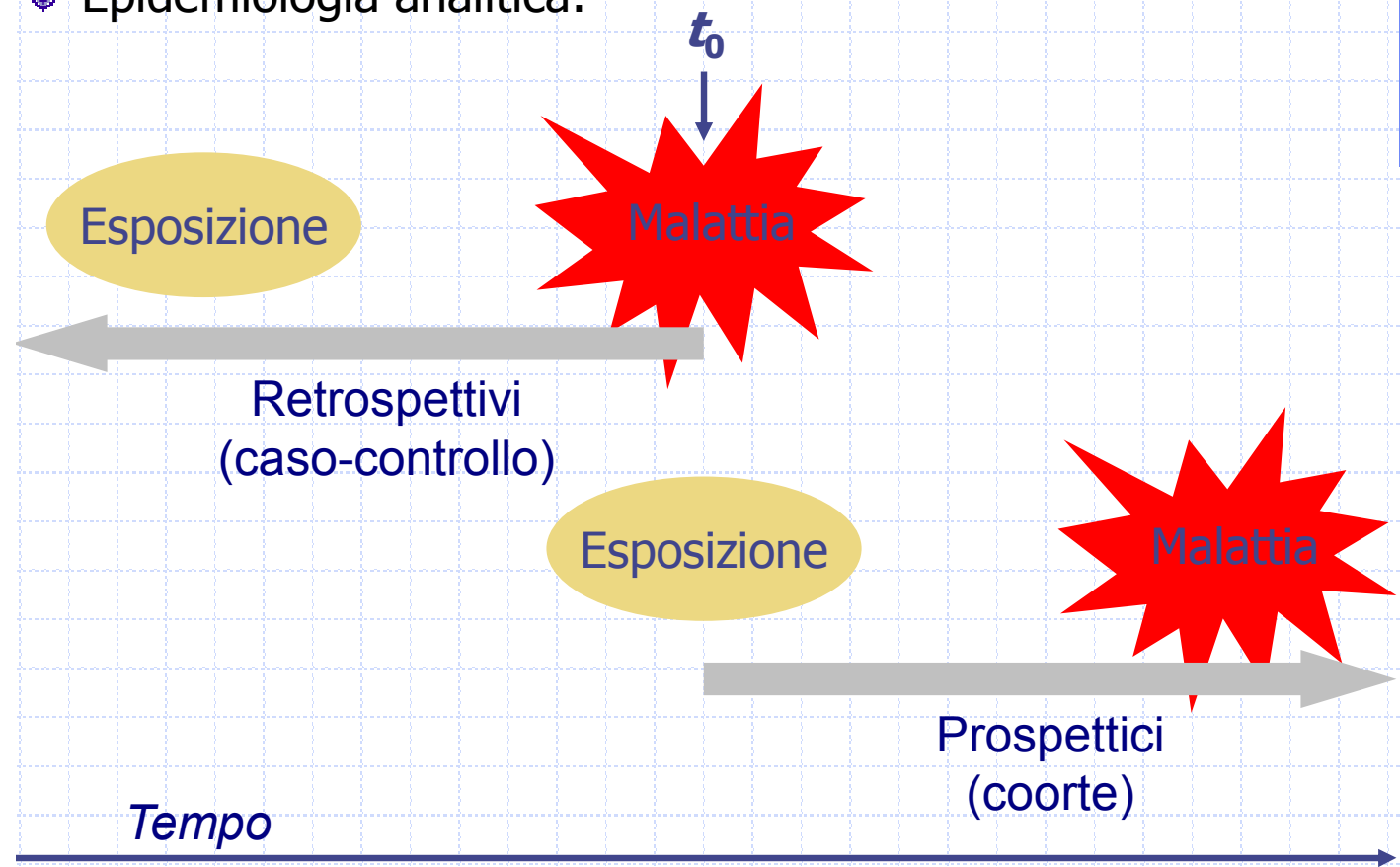
Member of the Statistical Research Unit of the Medical Research Council

AND

A. BRADFORD HILL, C.B.E., F.R.S.

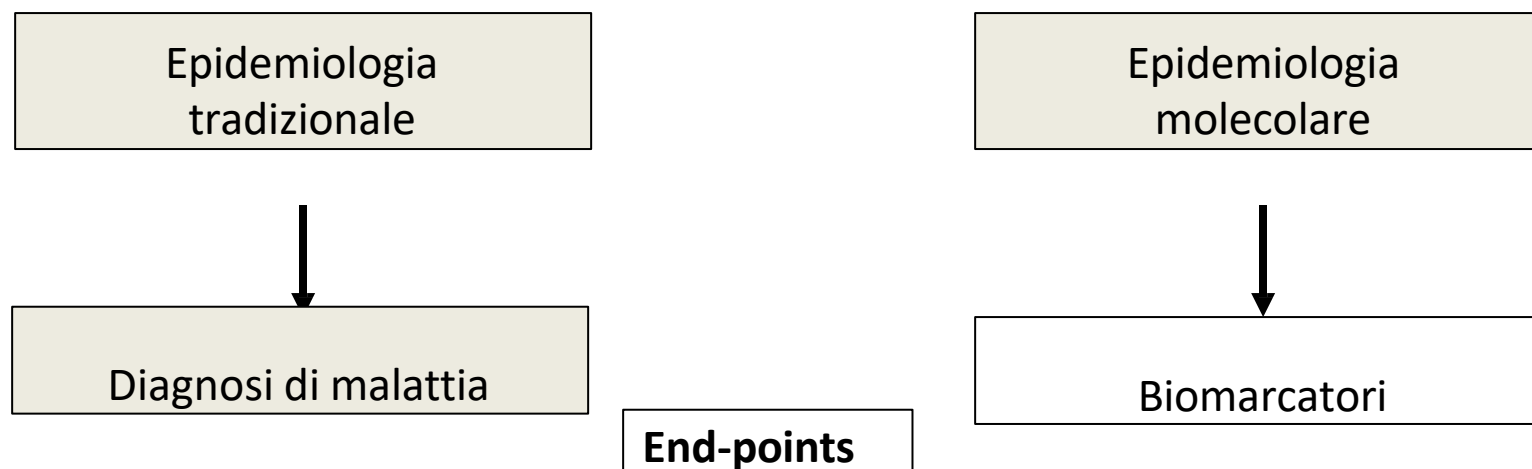
Professor of Medical Statistics, London School of Hygiene and Tropical Medicine ; Honorary Director of the Statistical Research Unit of the Medical Research Council

◆ Epidemiologia analitica:



Perera e Weinstein (1982) hanno suggerito di valutare end-points alternativi (dosabili con tecniche di biologia molecolare) al dato clinico in grado di fornire informazioni sul livello di esposizione, sull'effetto biologico e sulla suscettibilità individuale dei soggetti esposti a presunti agenti genotossici

L'impostazione di uno studio di epidemiologia molecolare non è dissimile da quella di uno studio di epidemiologia analitica, i due approcci variano solo in relazione agli end-points ricercati



L'epidemiologia molecolare

L'epidemiologia molecolare è un nuovo campo dell'epidemiologia che studia la comparsa di alterazioni molecolari, subcellulari e cellulari che si verificano prima dell'insorgere di una patologia

Il principale campo d'azione dell'epidemiologia molecolare sono le **MALATTIE CRONICO-DEGENERATIVE** ed in particolare le **MALATTIE NEOPLASTICHE**

Il controllo dei TUMORI è reso difficile dalla loro natura MULTIFATTORIALE, con l'evoluzione verso la malattia condizionata da esposizioni multiple e ripetute a fattori di rischio e con una PATOGENESI tipicamente MULTISTADI

Sorveglianza epidemiologica - controllo delle malattie emergenti e ri-emergenti

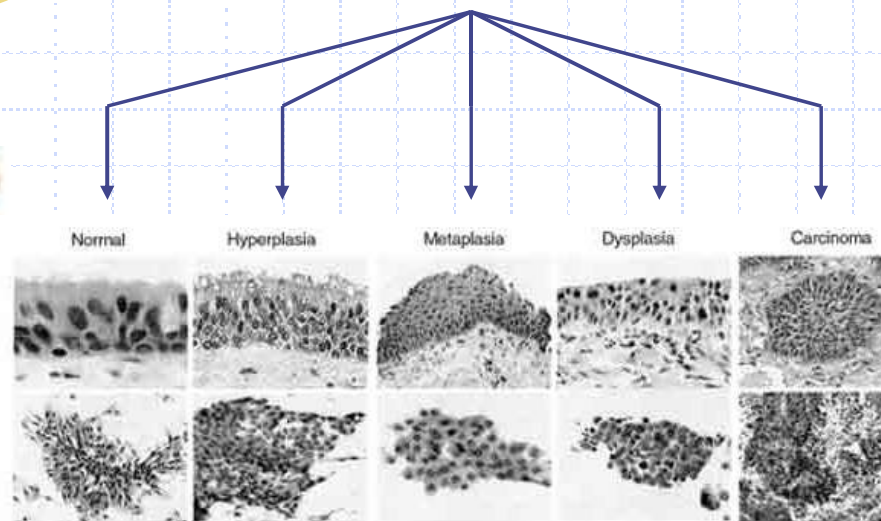
- **Caratterizzazione, Rilevamento, Diagnosi**
- **Sorveglianza di eventi epidemici**
- **Sorveglianza al fine di valutare i programmi di intervento**

Epidemiologia molecolare

- **Ricerca delle origini**
- **Studio dell'ecologia dell'agente infettivo**
- **Studio delle vie di trasmissione e dell'interazione ospite/agente**

Esposizione

Malattia



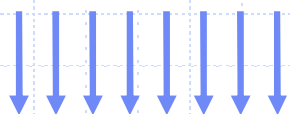
Processo multistadi/multifattoriale della cancerogenesi:

Esposizione

Fase di latenza

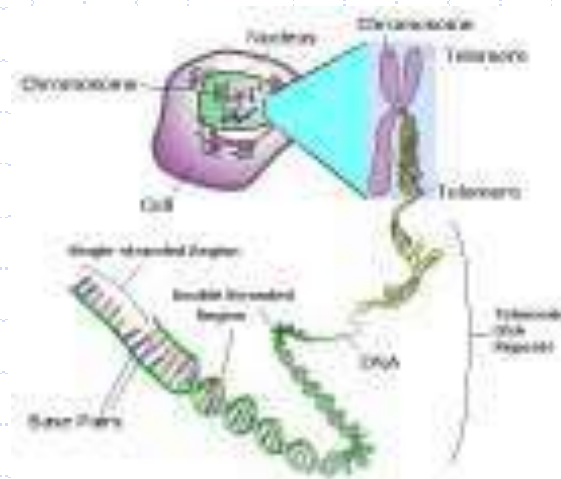
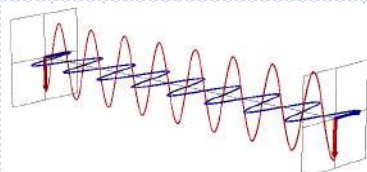
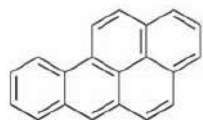
Fase preclinica

Malattia



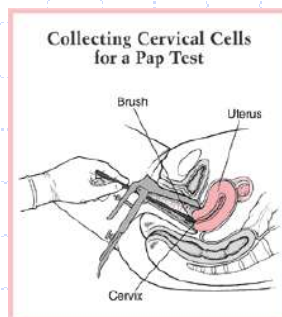
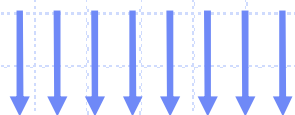
Fattori di rischio

1 n



Processo multistadi/multifattoriale della cancerogenesi:

Esposizione Fase di latenza Fase preclinica Malattia



Prevenzione secondaria:

- diagnosi precoce (*screening*)
- anticipazione diagnostica
- aumento sopravvivenza

Processo multistadi/multifattoriale della cancerogenesi:



Epidemiologia molecolare:

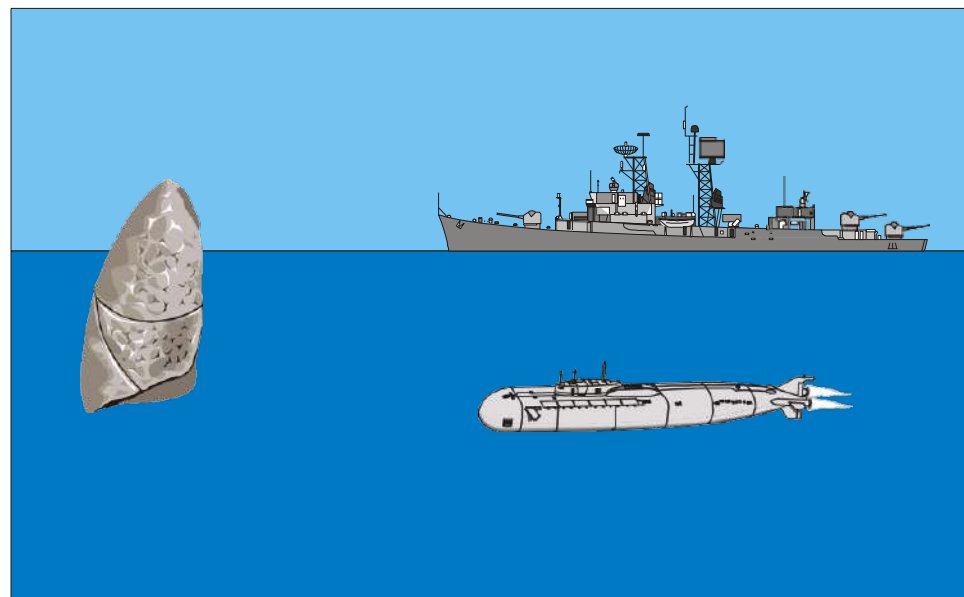
- caratterizzazione degli inquinanti
- valutazione dell'esposizione
- *risk assessment*

Fenomeno “iceberg”

La **PATOLOGIA TUMORALE MANIFESTA** è rappresentabile come la parte emersa, visibile di un iceberg

La parte visibile dell'iceberg è l'oggetto di studio dell'**EPIDEMIOLOGIA TRADIZIONALE** (morbosità o mortalità per determinate malattie)

La parte invisibile è oggetto di studio della **EPIDEMIOLOGIA MOLECOLARE**



Evento (biochimico, molecolare, genetico, immunologico o fisiologico) misurabile in un sistema biologico, che possa essere considerato come parte di un *continuum* tra un evento iniziale (generalmente un'esposizione a genotossici) ed il risultante stato patologico (es. neoplasia)

Un biomarcatore

- non è un test diagnostico
- è un indicatore di un'alterazione che potrebbe risultare completamente reversibile o che potrebbe evolversi in manifestazione clinica
- deve essere correlato all'end-point clinico
- deve essere sensibile anche a basse dosi di esposizione
- deve essere possibilmente specifico
- non deve richiedere indagini invasive

microrganismi



piccoli organismi
che vivono in qualsiasi
tipo di ambiente

microbiota



una comunità di
microrganismi in un
ambiente specifico

microbioma



una comunità di microrganismi
e il loro ruolo all'interno
di un ambiente specifico,
considerando le condizioni
ambientali e le interazioni
reciproche

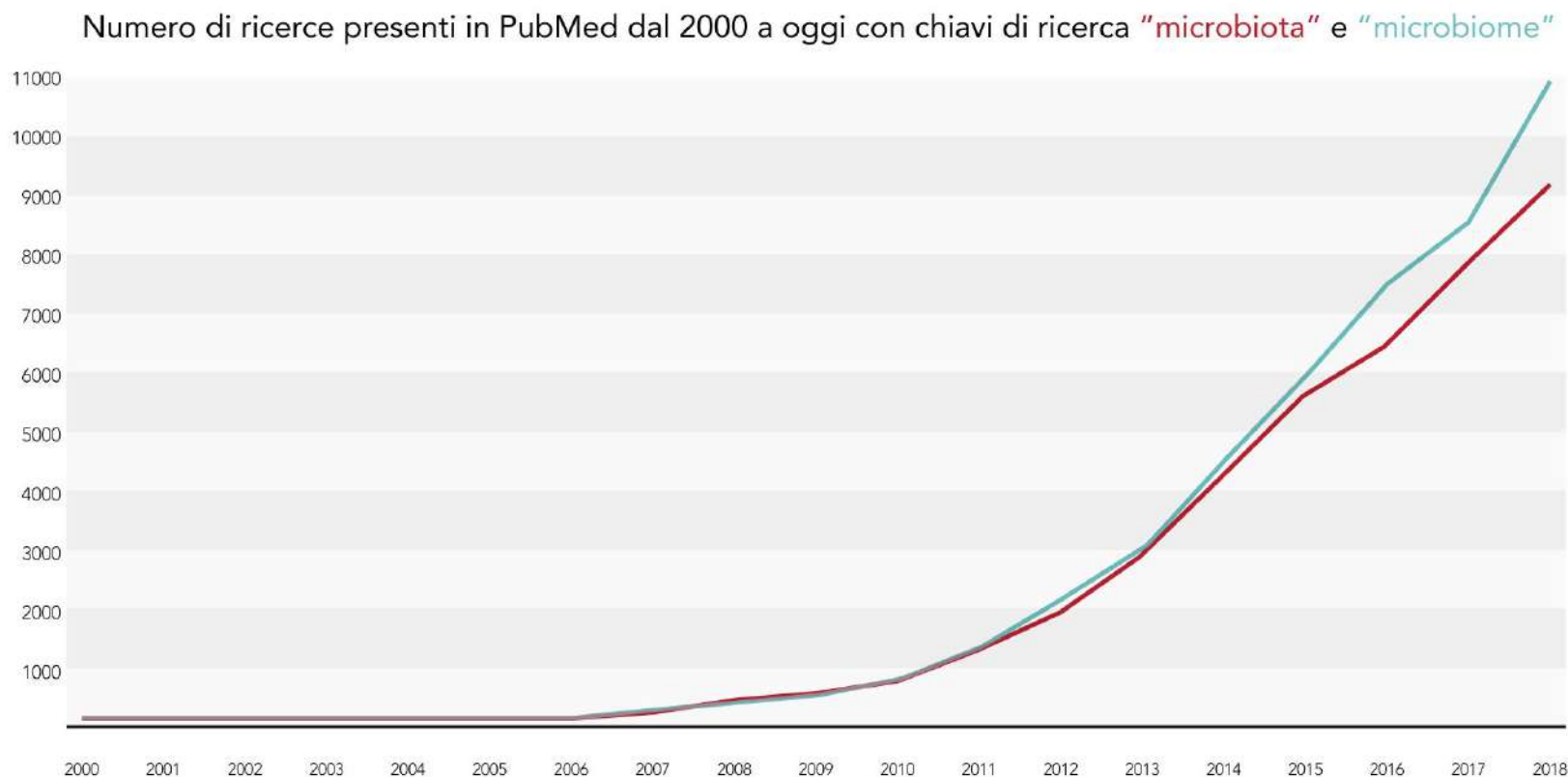


I microrganismi come batteri, archaea, funghi, alghe e virus sono minuscoli organismi reperibili quasi ovunque sul nostro pianeta, dai ghiacciai dell'Antartide alle aree più profonde degli oceani, e anche nel sistema alimentare.

Un insieme di microrganismi diversi che convivono in un habitat, come l'intestino umano o il suolo, è chiamato **microbiota**.

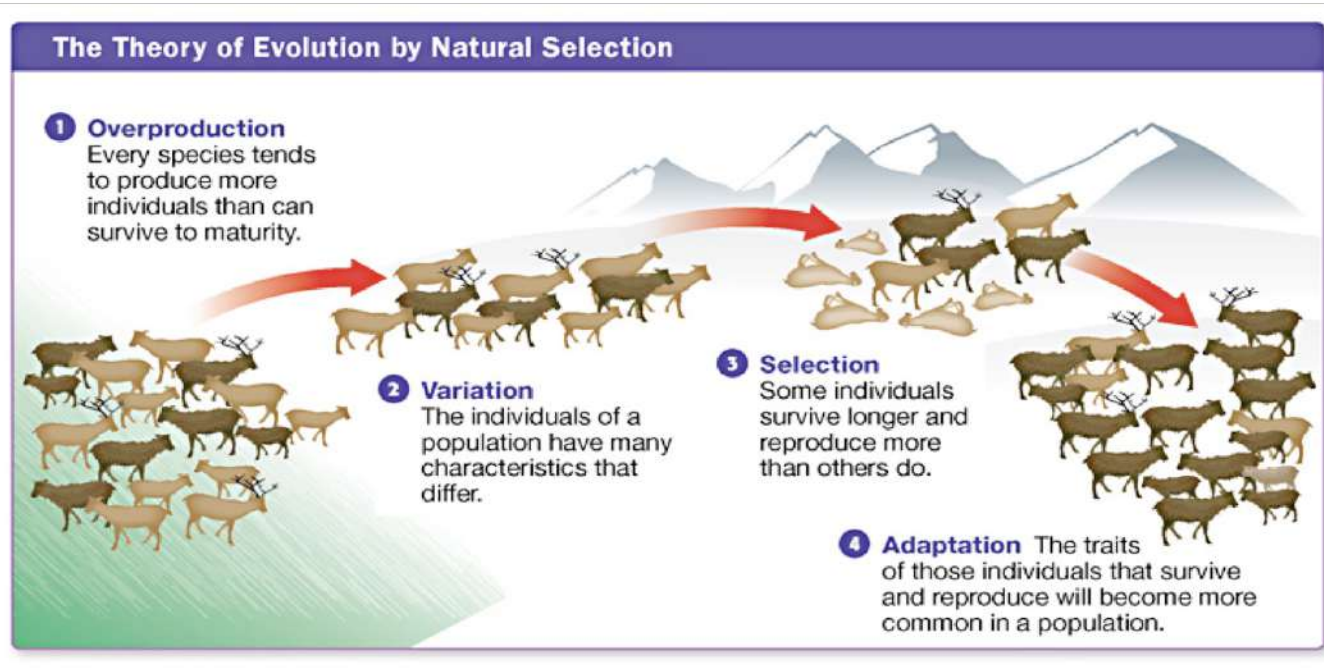
Il termine **microbioma**, d'altra parte, descrive una comunità di microrganismi diversi che occupa un determinato ambiente, e considera anche come tali microrganismi interagiscono tra loro e le condizioni ambientali circostanti.

Il grande interesse attorno a questi temi si deve al recente sviluppo dell'analisi **metagenomica**. Negli ultimi vent'anni questa tecnica ha fortemente contribuito all'aumento delle ricerche su microbiota e microbioma e ha permesso di scoprire la fitta trama di **interazioni** tra batteri e organismi pluricellulari. Nel percorso di comprensione di questa complessità non siamo che agli inizi.



Microbiota	Microbioma
Popolazione di microrganismi in un determinato ambiente e tempo	Genoma del microbiota
Cosa studia	
Le differenze tra i microrganismi e le relazioni tra essi	I geni e i composti per cui essi codificano
Importanza per l'uomo	
Un microbiota eubiotico permette di sviluppare un microbioma in grado di supportare le funzioni umane	Il microbioma integra il genoma umano, fornendo il 99% dei geni

Il concetto di selezione naturale con cui abbiamo familiarità a livello di specie è anche applicabile a livello di sequenze



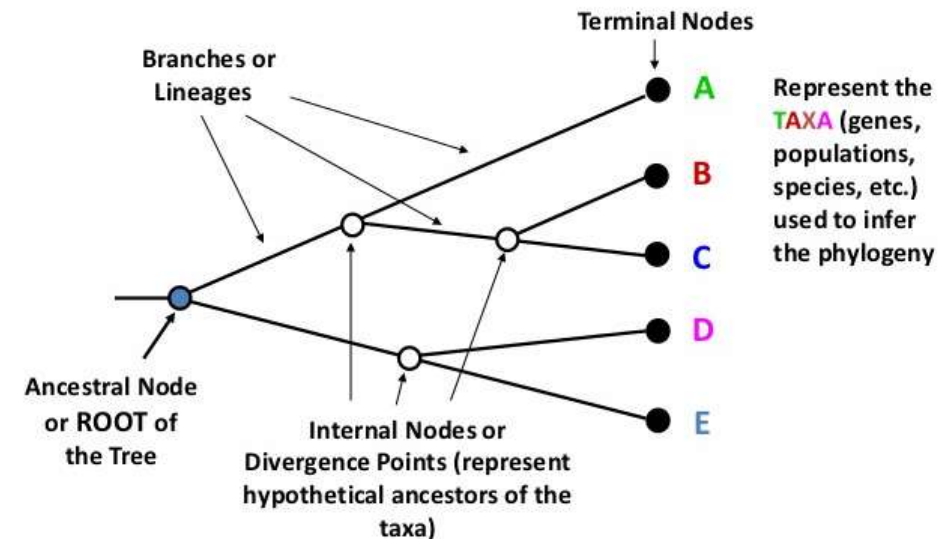
- Per **filogenetica** si intende lo studio della storia evolutiva degli organismi utilizzando diagrammi a forma di albero che rappresentano il loro pedigree
- Gli schemi di ramificazione che rappresentano la divergenza evolutiva sono complessivamente definiti «**filogenesi**»
- Originariamente la filogenetica si basava in larga parte sullo studio di **fossili** per ricavare caratteristiche ancestrali dalle quali si sono originate quelle degli organismi attualmente viventi. Tuttavia questo approccio ha molte limitazioni: dati frammentari nello spazio e nel tempo, difficoltà di raccolta per inaccessibilità dei depositi fossili, mancanza di dati per molti gruppi animali e vegetali



- Fortunatamente sono possibili approcci alternativi basati sui dati di sequenza
- Geni e, conseguentemente, proteine accumulano mutazioni nel tempo risultando in variazioni anche a livello fenotipico
- Per questo motivo i geni possono essere visti come dei **fossili molecolari**, dato che la loro comparazione può permetterci di **inferire** le sequenze ancestrali dalle quali sono derivati
- I dati molecolari sono **più facilmente reperibili** rispetto ai fossili
- **Non ci sono bias legati al campionamento** (è possibile riempire i gap dovuti all'assenza di determinati fossili)
- **Gli alberi filogenetici ottenuti con dati molecolari sono solitamente ben più solidi di quelli ottenuti con i soli dati fossili** (posso osservare un maggior numero di caratteri la cui interpretazione non è ambigua)

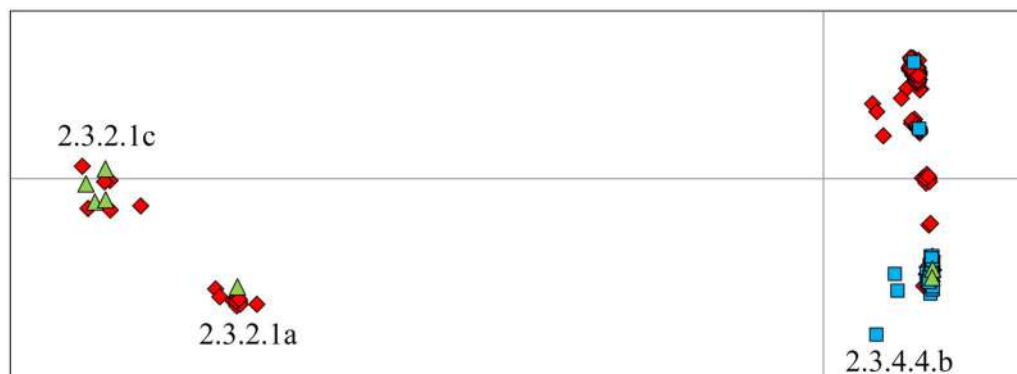
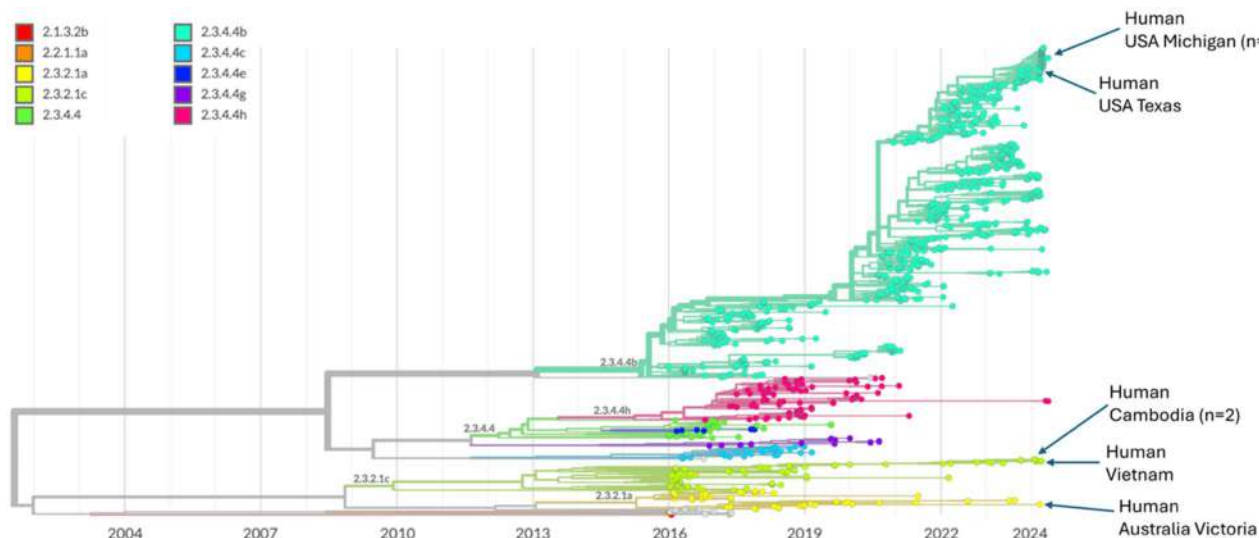
- **Le sequenze da analizzare devono essere omologhe**, cioè avere un'origine evolutiva comune a partire da una medesima sequenza ancestrale dalla quale si sono differenziate
- La ricostruzione filogenetica procede per **biforcazioni**, nel senso che un dato ramo «madre» si biforca in due rami «figli» in un determinato punto, che identifica l'ancestore comune da cui i due lineage evolutivi si sono diversificati
- **Ogni posizione di una sequenza evolve indipendentemente** (posso avere siti conservati vicini ad altri altamente variabili)
- La variabilità tra le sequenze deve essere sufficiente per generare alberi filogenetici privi di ambiguità

- **Radice (root)** = la sequenza ancestrale da cui tutte le altre sono state originate
- **Rami (branches)** = rappresentano i passaggi evolutivi che, nel tempo, hanno portato alle sequenze osservate
- **Nodi** = rappresentano i punti di biforcazione, ovvero le sequenze ancestrali intermedie dalle quali si sono differenziate alcune delle sequenze osservate
- **Nodi terminali** = rappresentano le sequenze osservate, cioè il prodotto del processo evolutivo



- I nodi terminali sono spesso definiti semplicemente come taxa oppure come OTU (Operational Taxonomic Units)
- Un gruppo di taxa che discendono da un singolo antenore comune può essere definito clade oppure gruppo monofiletico
- All'interno di un gruppo monofiletico, due taxa condividono un antenore comune che non è condiviso da nessuna altra sequenza nell'albero. Si possono quindi definire «sister taxa» (es. A, B e C nell'esempio precedente)
- Un ramo che porti ad un taxa a partire da un antenore può essere definito lineage

Filogenesi molecolare – esempio



♦ Avian ■ Mammals ▲ Humans

H5N1 avian influenza: tracking outbreaks with real-time epidemiological data

The avian influenza A(H5N1) virus was first identified in southern China in 1996, leading to substantial outbreaks among poultry in Hong Kong in 1997, which resulted in 18 human infections. Although the 1997 avian epidemic was controlled, the A(H5N1) virus persisted in birds and resurfaced in 2003, spreading extensively among birds throughout Asia and subsequently reaching Africa, Europe, and the Middle East, where it caused poultry outbreaks and sporadic human infections. Since 2003, more than 22 countries have reported more than 900 sporadic human cases of A(H5N1) infection to WHO (figure). The currently circulating avian influenza A(H5N1) viruses in wild birds and poultry worldwide are genetically distinct from earlier strains and became the predominant highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5 subtype in the autumn of 2021.

whereas the earlier strains continue to circulate at lower frequencies in several countries with few sporadic human cases globally reported. However, the clinical manifestations in humans from all avian influenza virus infections have varied widely in severity, ranging from asymptomatic or mild illness to severe disease resulting in death.

The WHO guidelines for influenza at the human-animal border include several key recommendations. These include enhanced surveillance in human populations potentially exposed to influenza A viruses, the use of the Tool for Influenza Pandemic Risk Assessment for detailed risk assessment associated with zoonotic influenza viruses, the recommendation to avoid contact with sick or dead animals and proper cooking of poultry products, and the importance of collaboration with influenza centres of reference and timely sharing of information on viruses with pandemic potential for the development of vaccines and other public health measures.

To support global response efforts, our team created an open-access database to track avian influenza cases

in different countries. We collected data from various public sources to compile a detailed list of cases, including: first, Disease Outbreak News (DON), which is the official online reporting system operated by WHO; second, reliable news websites specialising in public health and infectious disease news such as CIDRAP News or news aggregators such as BNO News, which provide flash alerts on relevant news; and third, peer-reviewed scientific papers published in high-impact journals. These data include information such as age, gender, dates of symptom onset, and laboratory confirmation, reported symptoms, geographical locations, travel history, and additional metadata defined by our data dictionary. Each potential data source is meticulously evaluated in terms of first, credibility (ie, the source must have a proven track record of accurate and reliable reporting, for example, DON is considered highly credible owing to its rigorous verification processes); second, accuracy (ie, information must be detailed and specific,



Lancet Infect Dis 2024

Published Online

July 5, 2024

[https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(24\)00414-6](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(24)00414-6)

For Disease Outbreak News visit

<https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news>

For CIDRAP News visit

<https://www.cidrap.umn.edu/>

For BNO News visit

<https://bno.news/>

For open access avian influenza data dictionary visit

<https://github.com/francesco-branda/avian-flu-data-dictionary>

For open access avian influenza database visit

<https://github.com/francesco-branda/avian-flu-database>

For open access avian influenza database visit

<https://github.com/francesco-branda/avian-flu-database>

*Francesco Branda, Massimo Ciccozzi, Fabio Scarpa

f.branda@unicampus.it

Unit of Medical Statistics and Molecular Epidemiology, University Campus Bio-Medico of Rome, Rome, Italy (FB, MC); Department of Biomedical Sciences, University of Sassari, Sassari, Italy (FS)

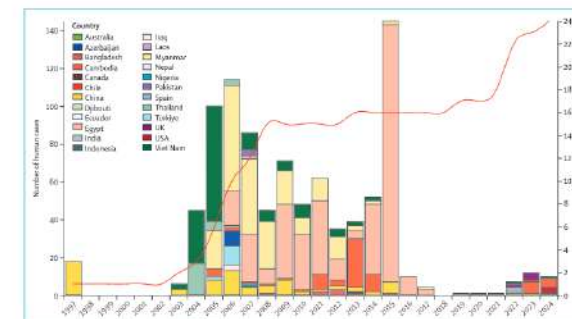


Figure: All human infections with H5N1 avian influenza virus reported to WHO, since the first human cases in 1997. The red line indicates the cumulative cases reported by new countries.

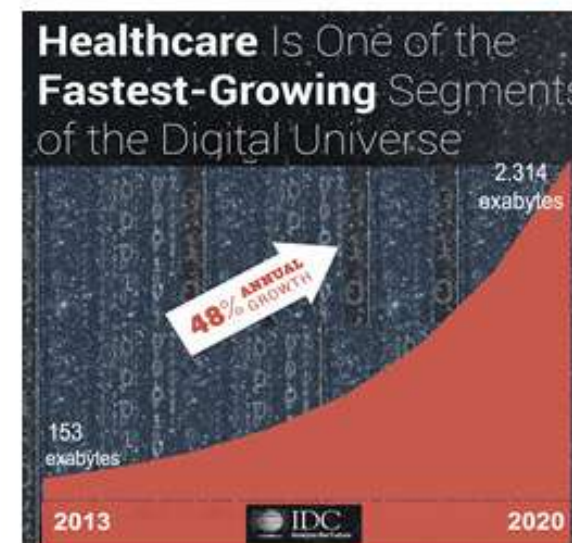
[https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(24\)00414-6](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(24)00414-6)

1





La babele della sanità digitale



2020: 2.314 exabyte
di dati, il 16% da dispositivi

- dove trovarli ?
- dove e come organizzarli ?
- come fare a proteggerli ?
- come fare ad utilizzarli ?

© Fabrizio Massimo Ferrara

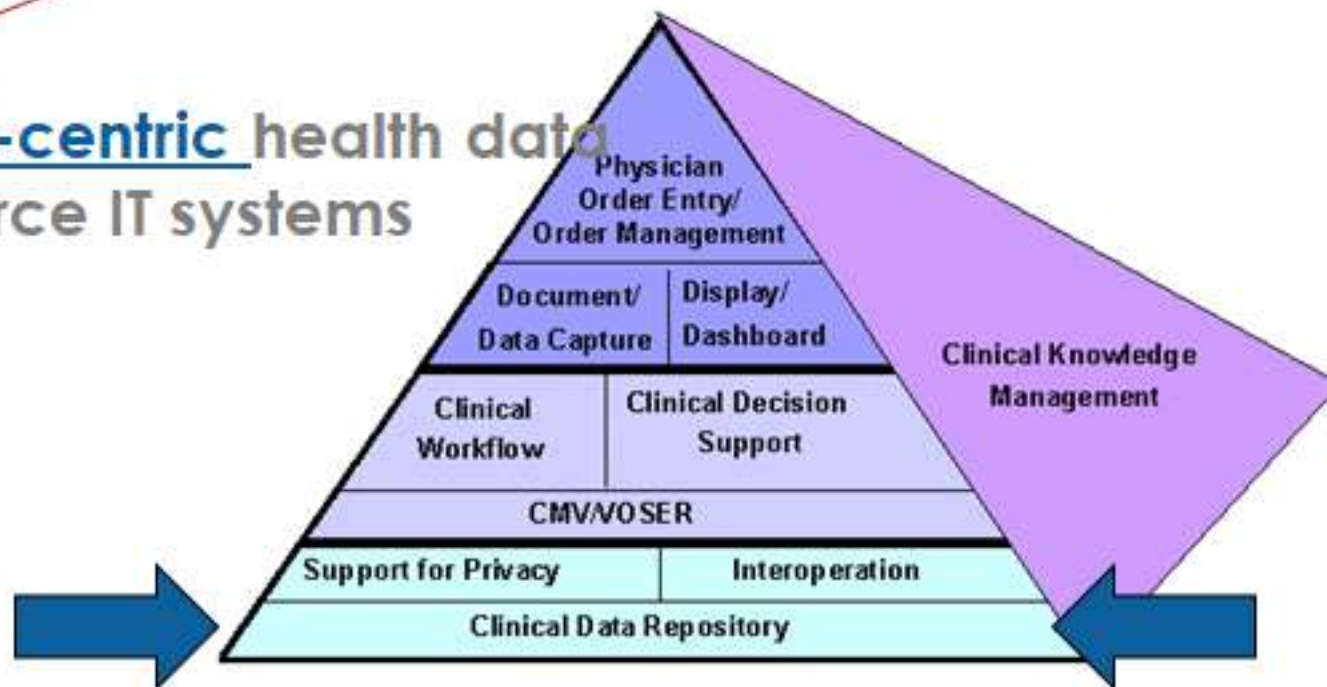
Clinical Data Repository (CDR)

non solo documenti
complementare, non alternativo
al Fascicolo Sanitario Elettronico

A **clinical data repository (CDR)** is an aggregation of granular patient-centric health data usually **collected from multiple-source IT systems** and intended to support multiple uses.

Gartner.

<https://www.gartner.com/it-glossary/cdr-clinical-data-repository>



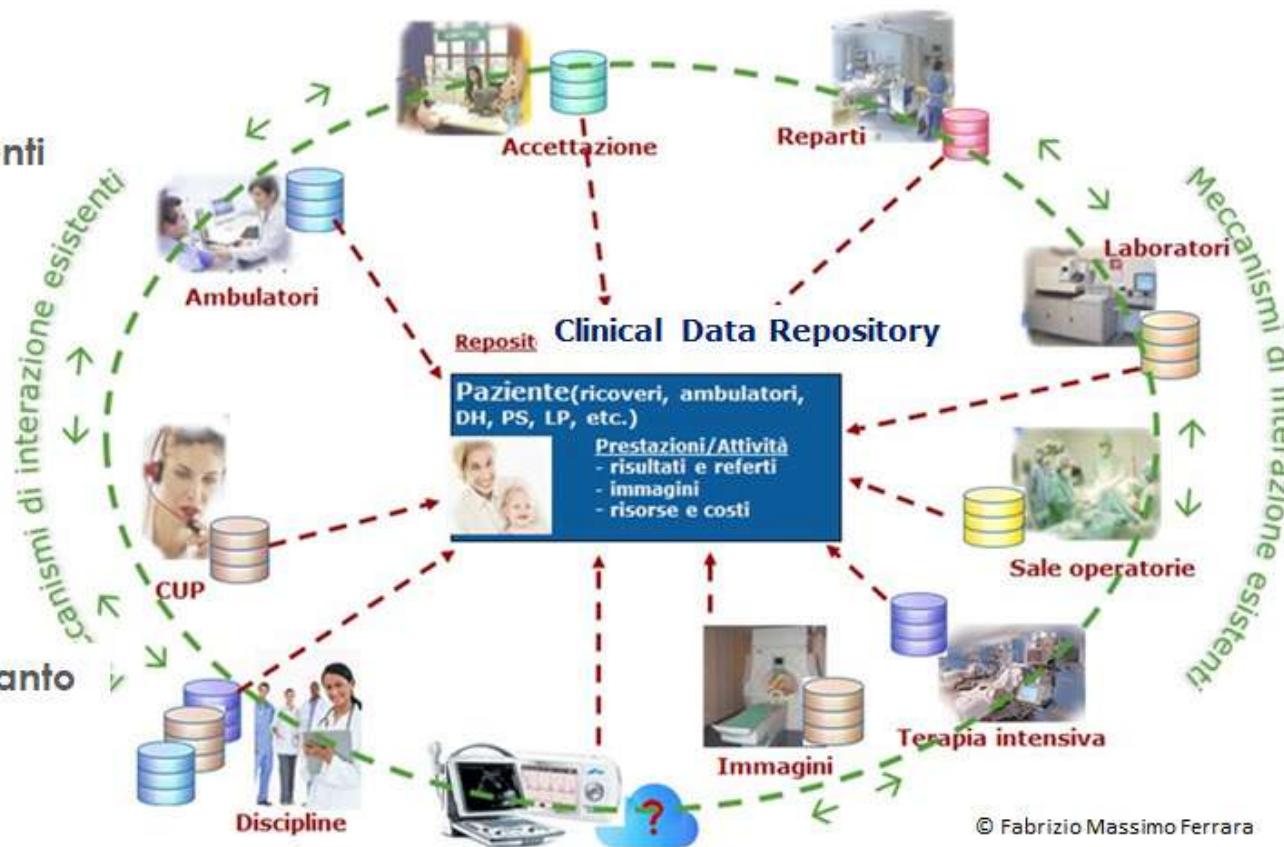
**Non basta la sola interazione fra le applicazioni,
occorre anche l'integrazione del patrimonio informativo**

Gradualmente e
senza modificare
le applicazioni esistenti

per i settori ed i dati
che sono man
mano necessari

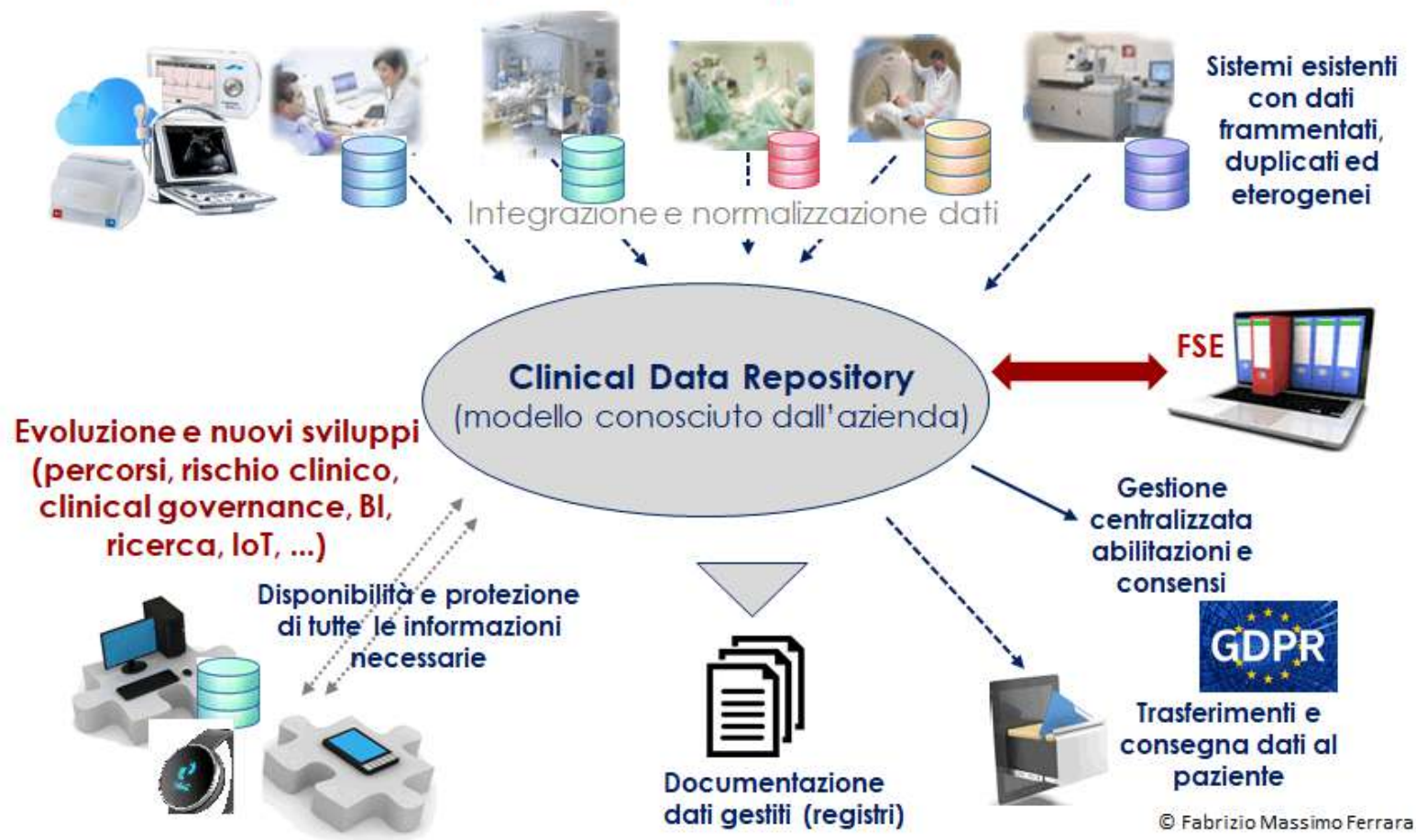
costruendo
incrementalmente
il patrimonio
integrato

analogamente a quanto
si fa per scopi
amministrativi con il
datawarehouse



© Fabrizio Massimo Ferrara

Il Clinical Data Repository nella operatività e nell'evoluzione



Diventa possibile la collaborazione di diversi attori in un continuum terapeutico-assistenziale

- centrato sul **paziente** e sul **percorso assistenziale**,
- **collaborando e comunicando nei processi**
- **condividendo informazioni**

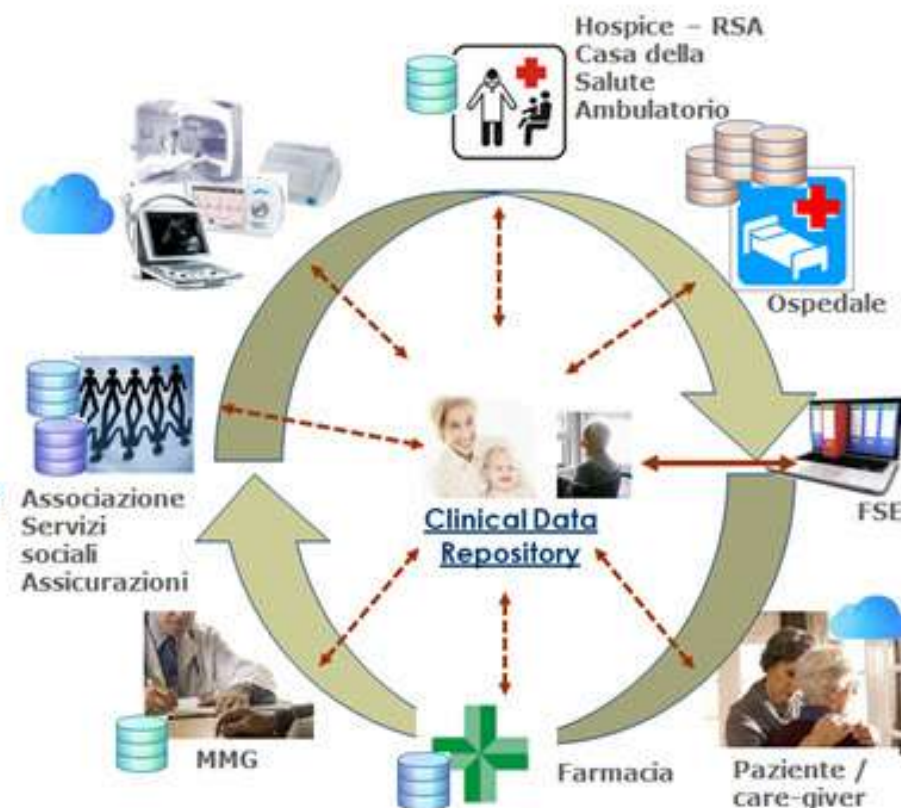


© Fabrizio Massimo Ferrara

Connected care
Integrated care
Personalized care



- **Appropriatezza e sicurezza della cura**
- **Collaborazione**
- **Prevenzione**
- **Ricerca**



ESEMPI DI CENTRALIZED DATA-REPOSITORY



Mpox

West-Nile

Influenza stagionale

country-typology-cases.xls - Modalità compatibilità

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
1	data_bulletin	country	cases	hospitalised	intensive_care	transplanted									
2	13/05/22	Belgium	13	0	1	0									
3	13/05/22	Cyprus	2	2	0	0									
4	13/05/22	Denmark	6	0	0	0									
5	13/05/22	Greece	2	1	0	0									
6	13/05/22	Ireland	6	6	3	0									
7	13/05/22	Italy	24	21	0	1									
8	13/05/22	Netherlands	6	6	0	3									
9	13/05/22	Norway	5	5	0	0									
10	13/05/22	Poland	1	1	0	0									
11	13/05/22	Serbia	1	1	0	0									
12	13/05/22	Slovenia	1	1	0	0									
13	13/05/22	Spain	26	13	4	1									
14	13/05/22	Sweden	9	0	0	0									
15	13/05/22	United Kingdom													
16	20/05/22	Austria													
17	20/05/22	Belgium													
18	20/05/22	Cyprus													
19	20/05/22	Denmark													
20	20/05/22	Greece													
21	20/05/22	Ireland													
22	20/05/22	Italy													



Agenzia per l'Italia Digitale

dati.gov.it
i dati aperti della pubblica amministrazione

Cerca nel sito

Dati ▾ Fare Open Data ▾ Monitoraggio ▾ Sviluppatori ▾ Scrivi alla redazione

Cerca tra i dataset

Per titolo e descrizione

Per parola chiave

Ordina per:

Scegli una opzione

Temi

Università della Basilicata (29)

Università della Calabria (4)

Università di Bari (120)

Università di Bologna (32)

Università di Cagliari e CRS4 - Progetto

West Nile

Il dataset descrive l'andamento epidemiologico del virus West Nile (Wnv) durante la stagione di...

Pubblicato da: Università della Calabria
Data di ultima modifica: 2023-11-02

salute-pubblica sorveglianza-epidemiologica west-nile

Influenza stagionale

Sono riportati i dati relativi all'influenza stagionale in Italia, estratti dai report settimanali...

Pubblicato da: Università della Calabria
Data di ultima modifica: 2023-01-13

influenza salute-pubblica sorveglianza-epidemiologica

Epatite di origine sconosciuta nei bambini

A partire dal 5 aprile 2022 il Regno Unito (UK) ha cominciato a notificare all'Organizzazione...

Pubblicato da: Università della Calabria
Data di ultima modifica: 2022-12-24

epatite salute-pubblica sorveglianza-epidemiologica

Vaiolo delle scimmie

Riepilogo settimanale europeo e italiano del monitoraggio sanitario che descrive il quadro della...

Pubblicato da: Università della Calabria
Data di ultima modifica: 2023-01-13

salute-pubblica sorveglianza-epidemiologica vaiolo-delle-scimmie



scientific **data**
www.nature.com/scientificdata
 Check for updates

OPEN

DATA DESCRIPTOR

Monitoring the West Nile virus outbreaks in Italy using open access data

Marco Mingione^{1,2,6}, Francesco Branda^{1,6}, Antonello Maruotti³, Massimo Ciccozzi⁴ & Sandra Mazzoli⁵

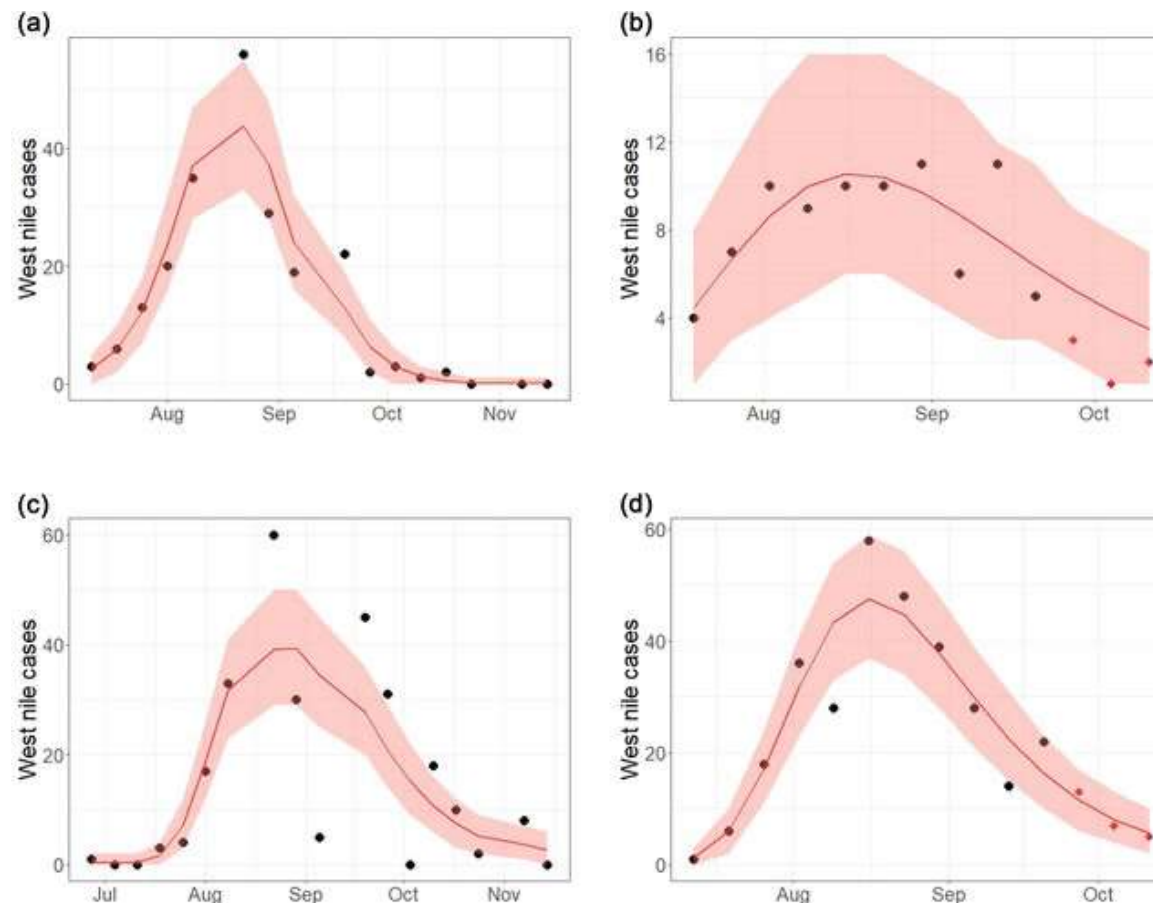
This paper introduces a comprehensive dataset on West Nile virus outbreaks that have occurred in Italy from September 2012 to November 2022. We have digitized bulletins published by the Italian National Institute of Health to demonstrate the potential utilization of this data for the research community. Our aim is to establish a centralized open access repository that facilitates analysis and monitoring of the disease. We have collected and curated data on the type of infected host, along with additional information whenever available, including the type of infection, age, and geographic details at different levels of spatial aggregation. By combining our data with other sources of information such as weather data, it becomes possible to assess potential relationships between West Nile virus outbreaks and environmental factors. We strongly believe in supporting public oversight of government epidemic management, and we emphasize that open data play a crucial role in generating reliable results by enabling greater transparency.

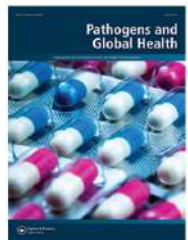
Background & Summary

West Nile Virus (WNV) belongs to the *Flaviviridae* family, genus *Flavivirus* which is a single-stranded, positive sense RNA virus¹, and was first discovered in a Ugandan woman in 1937². This virus is one of the many Arboviruses (Arthropod-borne viruses) that are maintained in nature principally through biological transmission between susceptible vertebrate hosts by haematophagous arthropods. Ticks and mosquitoes³ are the principal vectors but also other blood-sucking arthropod vectors can be involved in Arbovirosis, as for Toscana virus meningitis in Italy⁴. At present, there exist more than five hundred viruses classified as Arbovirus, which can cause illnesses in animals⁵ and about a hundred in humans, the majority belonging to the *Togaviridae*, *Flaviviridae* and *Bunyaviridae* viral families. Before 1990, sporadic cases and mild outbreaks of WNV occurred, except in Israel and France. After 1990 several outbreaks have been observed in Algeria, Morocco, Tunisia, Italy, France, Romania, Israel and Russia, with neurological complications and deaths. In the summer of 1999, a New York cluster with its genomic sequence demonstrated the Israeli origin of the strain⁶. It is unknown how the virus crossed the Atlantic Ocean with subsequent additional spreading in Canada, the USA, Mexico, the South American Caribbean Area, Venezuela, Chile, and Argentina. South Africa and the Western Hemisphere are other infection cluster zones. In Italy, WNV was first detected in Toscana back in 1998⁷. The regions of Emilia-Romagna and Veneto, which surround the Po River delta, were particularly affected. Since then, WNV has been detected every year in the country. To address this ongoing concern, an integrated surveillance plan for Arboviruses was initiated in the Northern Italy regions in 2008 and subsequently extended to cover the entire country^{8,9}.

Various external factors may contribute to the spread of the virus, including climate change^{10–12}, urbanization, ease of travel, and globalization¹³. Temperature anomalies, in particular, have been found to influence WNV transmission in Europe. They can alter the geographic range of vectors, the aerial migration routes of avian WNV hosts, and the pathogen life cycle¹⁴. Mosquitoes of the *Culex pipiens* are recognized as the main vector of

¹Dept. of Political Sciences, Roma Tre University, Rome, Italy. ²Institute of Applied Computing "M. Picone" (IAC-CNR), Rome, Italy. ³Unit of Medical Statistics and Molecular Epidemiology, University Campus Bio-Medico di Roma, Rome, Italy. ⁴Dept. of Law, Economics, Politics, and Modern Languages, LUMSA University, Rome, Italy. ⁵STDs Centre, Santa Maria Annunziata Hospital, Florence, Italy. ⁶These authors contributed equally: Marco Mingione, Francesco Branda.





Pathogens and Global Health



ISSN: (Print) (Online) Journal homepage: <https://www.tandfonline.com/loi/ypgh20>

The importance of rapid and robust availability of epidemiological data for real-time mapping of the risk of avian influenza a (H5N1) spread

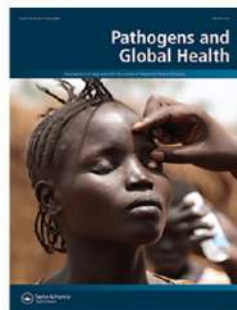
Francesco Branda & Sandra Mazzoli

To cite this article: Francesco Branda & Sandra Mazzoli (2023): The importance of rapid and robust availability of epidemiological data for real-time mapping of the risk of avian influenza a (H5N1) spread, Pathogens and Global Health, DOI: [10.1080/20477724.2023.2228055](https://doi.org/10.1080/20477724.2023.2228055)

To link to this article: <https://doi.org/10.1080/20477724.2023.2228055>

- ☐ Tutti gli elementi
- ☒ Domestic poultry (2022-2023)
- ☐ Tutti gli elementi
- ☒ Wild birds (2022-2023)
- ☐ Tutti gli elementi





Pathogens and Global Health



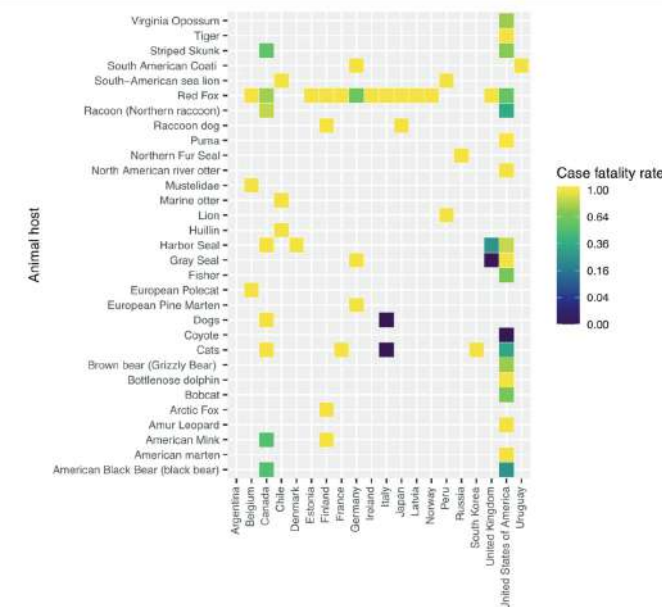
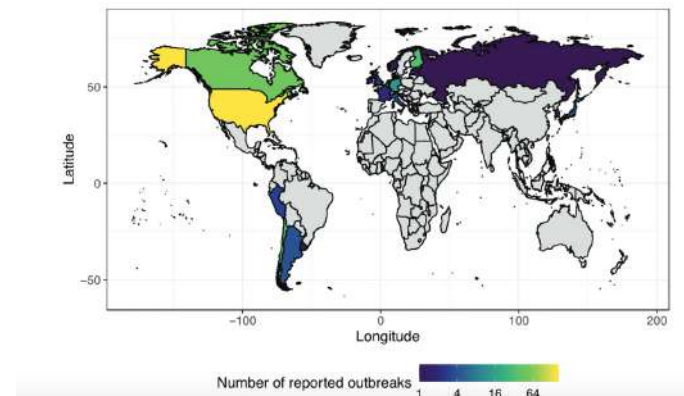
ISSN: (Print) (Online) Journal homepage: www.tandfonline.com/journals/ypgh20

Monitoring avian influenza in mammals with real-time data

Francesco Branda, Marta Giovanetti, Fabio Scarpa & Massimo Ciccozzi

To cite this article: Francesco Branda, Marta Giovanetti, Fabio Scarpa & Massimo Ciccozzi (27 Feb 2024): Monitoring avian influenza in mammals with real-time data, Pathogens and Global Health, DOI: [10.1080/20477724.2024.2323843](https://doi.org/10.1080/20477724.2024.2323843)

To link to this article: <https://doi.org/10.1080/20477724.2024.2323843>





**La salute è come il
denaro, non abbiamo
mai una vera idea del
suo valore fino a
quando la perdiamo.**

Josh Billings





LUCANS
LUCANIA • AMBIENTE E SALUTE

Grazie per l'attenzione



Francesco Branda, Statistica medica ed Epidemiologia molecolare, Campus Bio-Medico di Roma