



Istituto Zooprofilattico Sperimentale
del Lazio e della Toscana M. Aleandri



Antimicrobicoresistenza (AMR) L'approccio One Health al tempo della pandemia COVID-19

**Workshop Annuale 2021
del Laboratorio Nazionale di Riferimento
per l'Antibioticoresistenza e del
Centro di Referenza Nazionale per l'Antibioticoresistenza**

Webinar, 18-19 novembre 2021

AMR e COVID-19 – One Health, se non ora, quando?

Umberto Agrimi
Istituto Superiore di Sanità

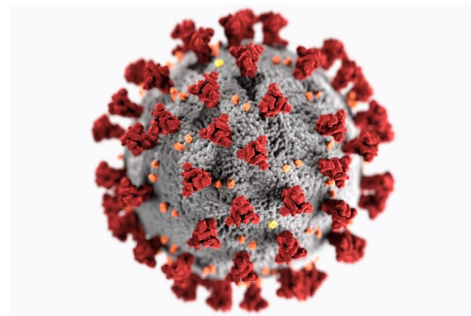


www.iss.it/sicurezza-alimentare-nutrizione-e-sanità-pubblica-veterinaria



DIPARTIMENTO
**SICUREZZA ALIMENTARE, NUTRIZIONE
E SANITÀ PUBBLICA VETERINARIA**

SARS-CoV-2 e AMR, due buoni esempi per parlare di OH



- Perchè la complessità dell'ecologia di SARS-CoV-2 e dei microrganismi AR richiede una prospettiva di lettura e interpretazione ampia e che abbraccia pienamente le tre dimensioni della OH
- Perchè hanno una dimensione planetaria
- Perchè riconoscono driver che operano in tutte le dimensioni della OH
- Perchè per essere affrontati correttamente hanno bisogno di uno sforzo collaborativo capace di superare i confini disciplinari

One Health, Global health,
Planetary Health.

Why?



Source: <https://adwonline.ae/uae-planning-stop-climate-change/>

The awareness of living in a world that cultural, scientific and technological progresses has made very small has brought out the need to address health issues through an holistic approach that looks at health in global terms.



www.iss.it/sicurezza-alimentare-nutrizione-e-sanità-pubblica-veterinaria

ONE HEALTH DEFINITION

Centers for Disease Control (CDC - USA) - One Health is a collaborative, multisectoral, and transdisciplinary approach — working at the local, regional, national, and global levels — with the goal of achieving optimal health outcomes recognizing the interconnection between people, animals, plants, and their shared environment.

World Health Organization (WHO) - One Health is an approach to designing and implementing programmes, policies, legislation and research in which multiple sectors communicate and work together to achieve better public health outcomes. The 'One Health' approach is critical to addressing health threats in the animal, human and environment interface.

Food and Agriculture Organization (FAO) - The health of animals, people, plants and the environment is interconnected. One Health is an integrated approach that recognizes this fundamental relationship and ensures that specialists in multiple sectors work together to tackle health threats to animals, humans, plants and the environment.



www.iss.it/sicurezza-alimentare-nutrizione-e-sanità-pubblica-veterinaria

The ecological way to One Health

Life is relationship.

OH is a particular way of observing things, a way capable of embracing and grasping the complexity of the relationships existing between living beings and between them and the inanimate world and to interpret them with the perspective of health.

Doing OH means knowing how to take up the challenge of complexity. First of all, the complexity of relationships.

The tool to face this challenge is the interdisciplinarity and the integration of skills in order to bring the fragmentation of disciplines, skills, information to a unitary dimension of action.



www.iss.it/sicurezza-alimentare-nutrizione-e-sanità-pubblica-veterinaria

Our 'phisical' Planet

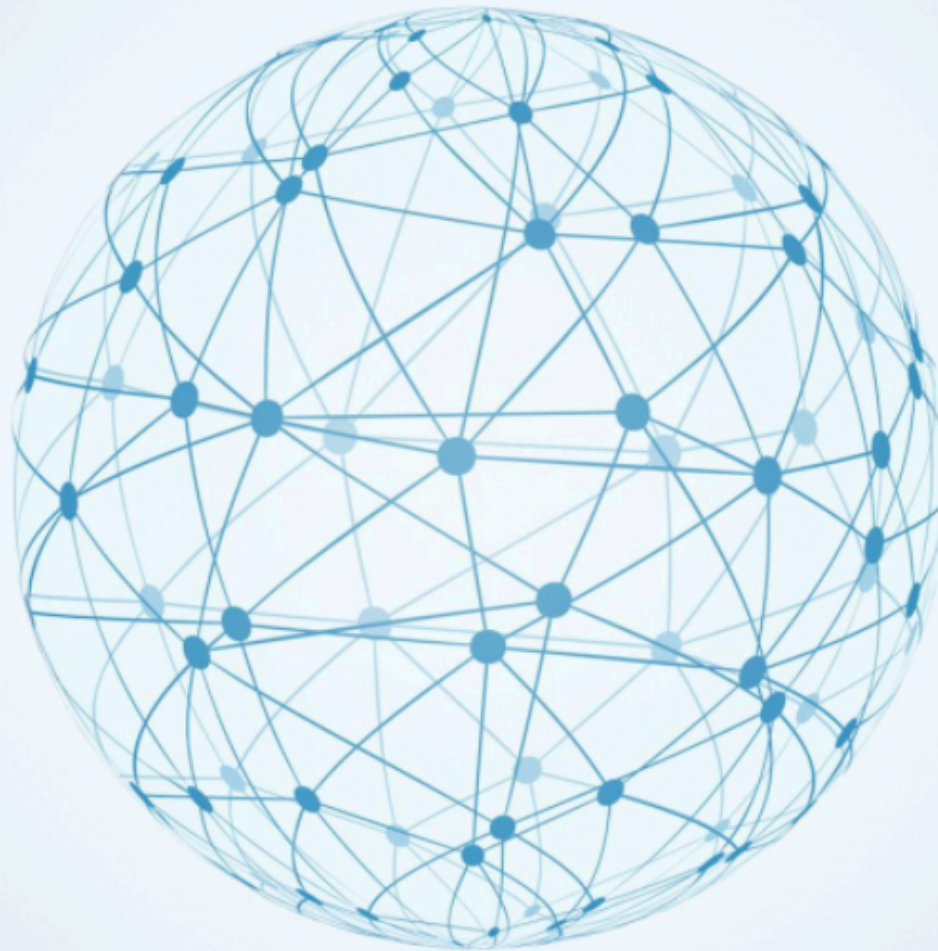


www.iss.it/sicurezza-alimentare-nutrizione-e-sanità-pubblica-veterinaria



DIPARTIMENTO
SICUREZZA ALIMENTARE, NUTRIZIONE
E SANITÀ PUBBLICA VETERINARIA

A Planet of relationships

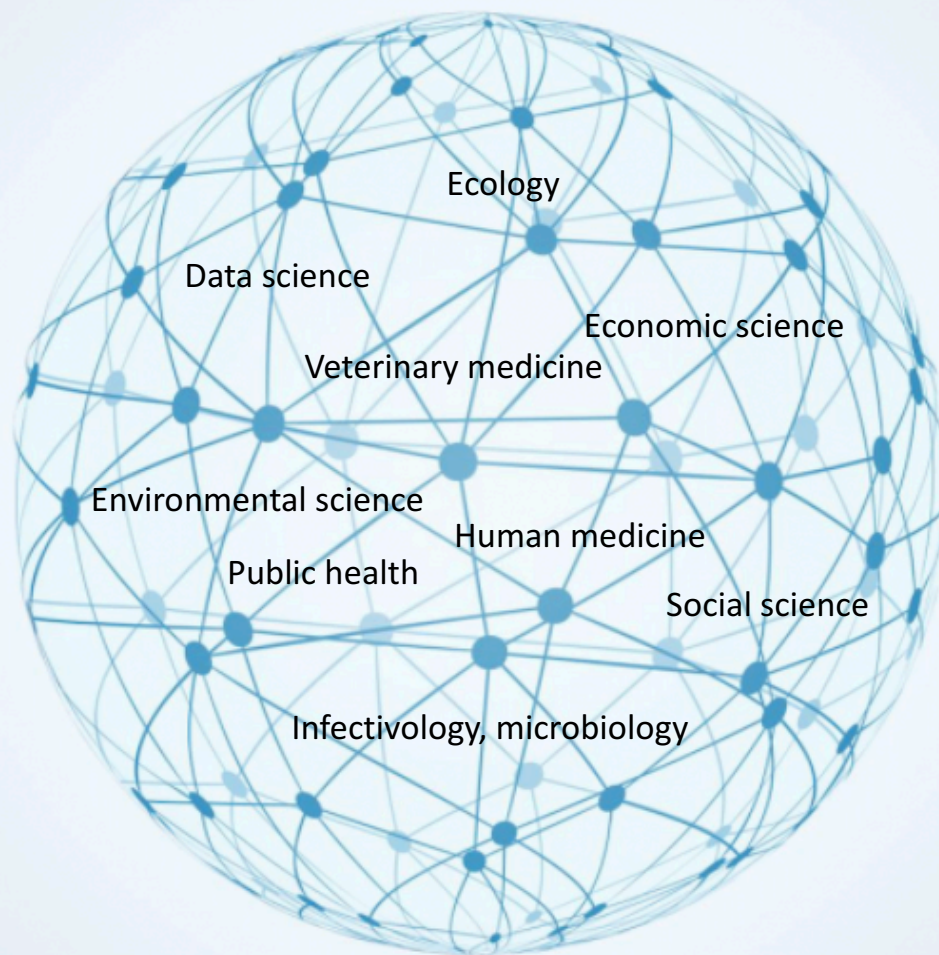


www.iss.it/sicurezza-alimentare-nutrizione-e-sanità-pubblica-veterinaria

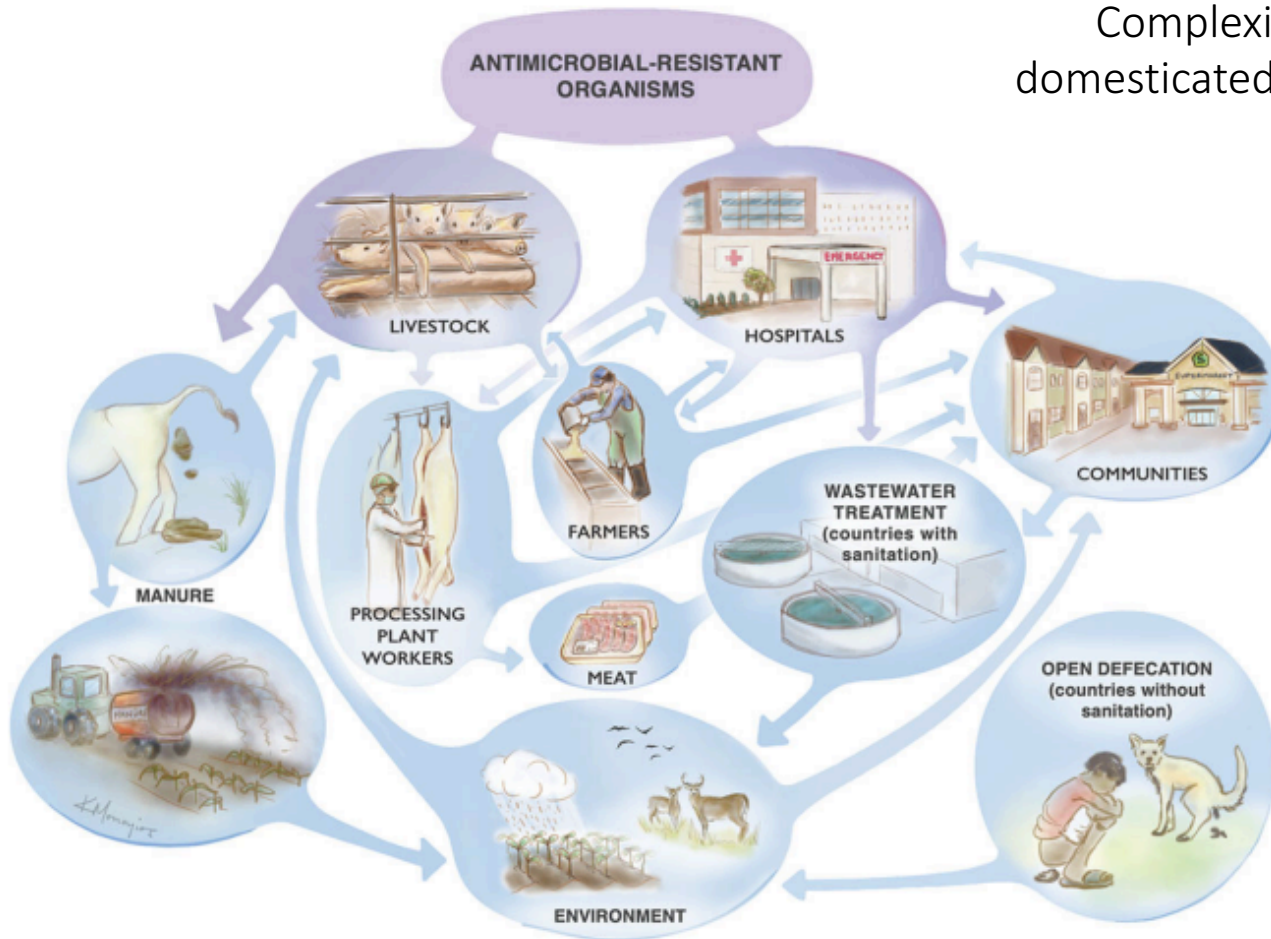


DIPARTIMENTO
SICUREZZA ALIMENTARE, NUTRIZIONE
E SANITÀ PUBBLICA VETERINARIA

Bringing the fragmentation of disciplines, skills, information to a unitary dimension of action



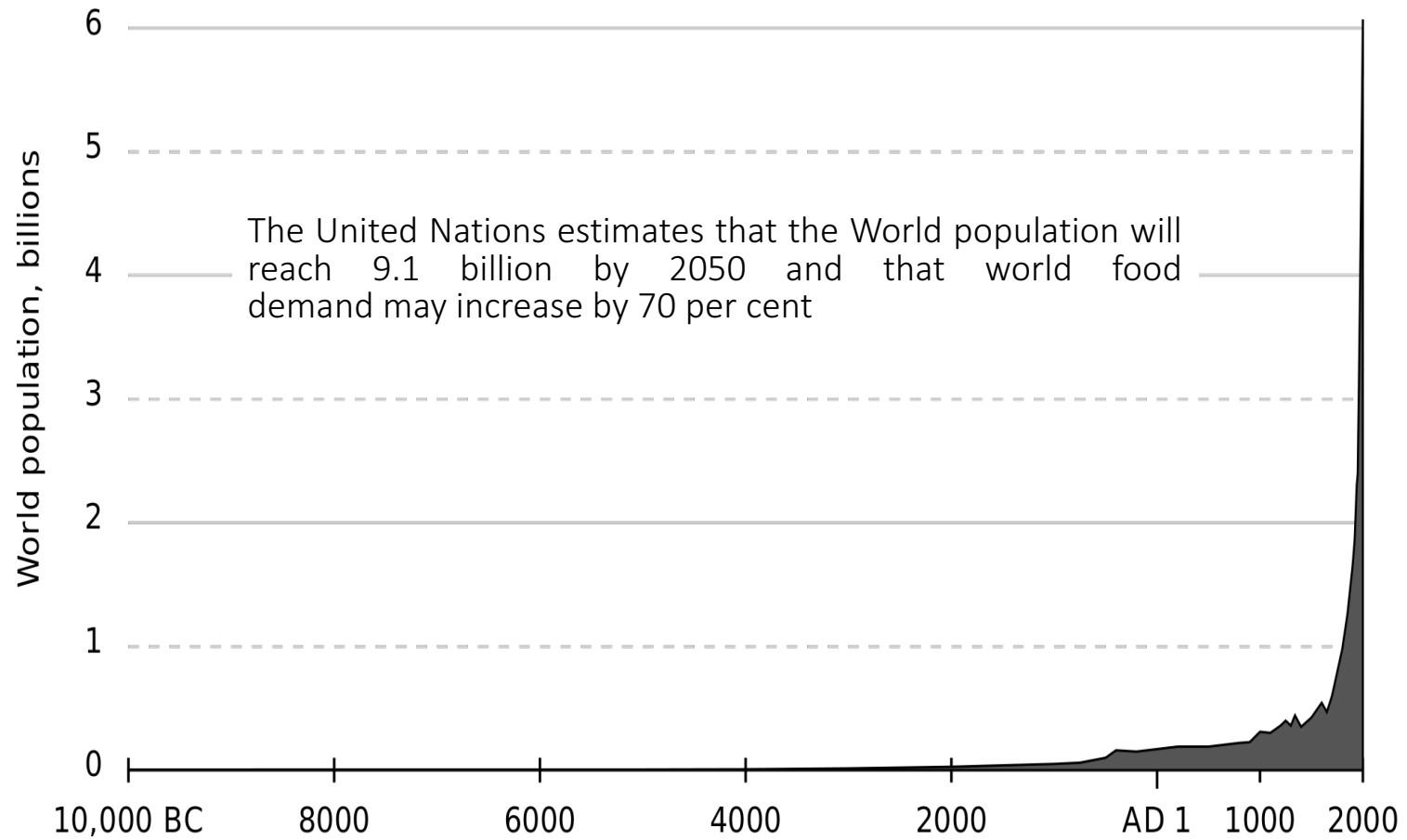
Complexity of antimicrobial resistance across domesticated animals, humans, and the environment



- i meccanismi molecolari dell'evoluzione della resistenza all'interno dei diversi comparti
- i meccanismi di diffusione, trasmissione e propagazione nei vari comparti
- sopravvivenza, vitalità e infettività nei diversi comparti
- i driver in ciascuna componente di questa complessità
- il ruolo e peso relativo dei diversi comparti
- i percorsi epidemiologici che connettono i diversi comparti all'uomo
- l'ecologia dei microrganismi nei vari comparti
-

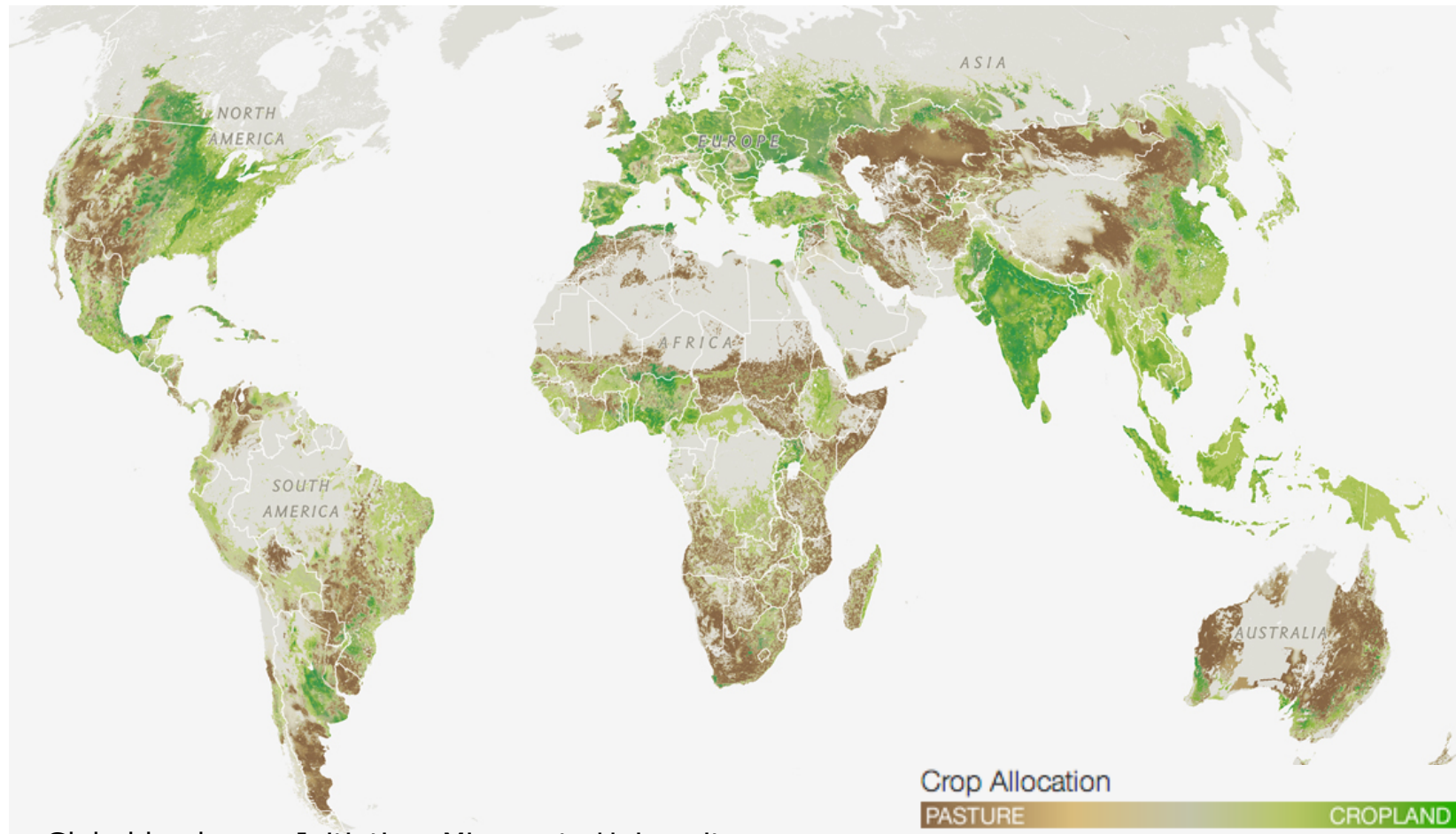
Graham et al., 2019 Ann. N.Y. Acad. Sci. I

Population growth worldwide



Almost all new food production over the next 25 years will have to come from existing agricultural land.

LAND USE



Global landscape Initiative, Minnesota University



Pesticide and drugs increase in crops, animals and the environment





#NEXTGENERATIONITALIA



Piano Nazionale
di Ripresa e Resilienza

**PNRR:
Pubblicazione Decreti
Economia Circolare**



www.iss.it/sicurezza-alimentare-nutrizione-e-sanità-pubblica-veterinaria



Comparative analysis of metagenomes of Italian top soil improvers

Federica Gigliucci ^{a, b} ✉, Gianfranco Brambilla ^a, Rosangela Tozzoli ^a, Valeria Michelacci ^a, Stefano Morabito

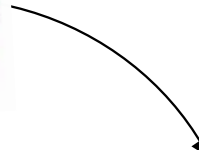
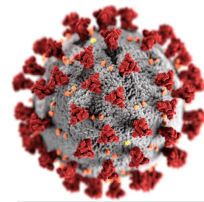
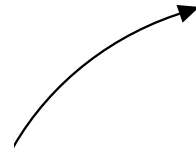
The samples showed the presence of many virulence genes associated to different diarrheagenic *E. coli* pathotypes as well as of different antimicrobial resistance-associated genes. The genes conferring resistance to Fluoroquinolones was the most relevant class of antimicrobial resistance genes observed in all the samples tested. To a lesser extent traits associated with the resistance to Methicillin in *Staphylococci* and genes conferring resistance to Streptothricin, Fosfomycin and Vancomycin were also identified.



Reservoir



Intermediate
hosts ??



Spillover

CORONAVIRUS DEGLI ANIMALI

- **Capaci di infettare numerose specie di mammiferi e uccelli**
- **Elevata frequenza di eventi di mutazione e ricombinazione**
- **Attitudine a colonizzare e replicare negli epiteli respiratori e intestinali**
- **Possono selezionarsi varianti altamente patogene**

Alphacoronavirus

Alphacoronavirus 1

Canine coronavirus



Canine coronavirus type I

Canine coronavirus type II

Feline coronavirus



Feline coronavirus type I

Feline coronavirus type II

Porcine respiratory coronavirus



Transmissible gastroenteritis virus

Human coronavirus 229E



Human coronavirus NL63

Miniopterus bat coronavirus 1



Porcine epidemic diarrhea virus



Rhinolophus bat coronavirus HKU2

Scotophilus bat coronavirus 512



Betacoronavirus

Betacoronavirus 1

Bovine coronavirus



Equine coronavirus



Human coronavirus OC43

Porcine hemagglutinating encephalomyelitis virus



Bat SARS related coronavirus



Human coronavirus HKU1

Middle East respiratory syndrome coronavirus



Murine coronavirus

Mouse hepatitis virus



Rat coronavirus



Pipistrellus bat coronavirus HKU5



Rousettus bat coronavirus HKU9



Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus

Tylonycteris bat coronavirus HKU4



Gammacoronavirus

Avian coronavirus

Infectious bronchitis virus



Turkey coronavirus



Duck coronavirus



Goose coronavirus



Pigeon coronavirus



Beluga whale coronavirus SW1



Deltacoronavirus

Wigeon coronavirus HKU20



Bulbul coronavirus HKU11



Munia coronavirus HKU13



White-eye coronavirus HKU16



Night heron coronavirus HKU19



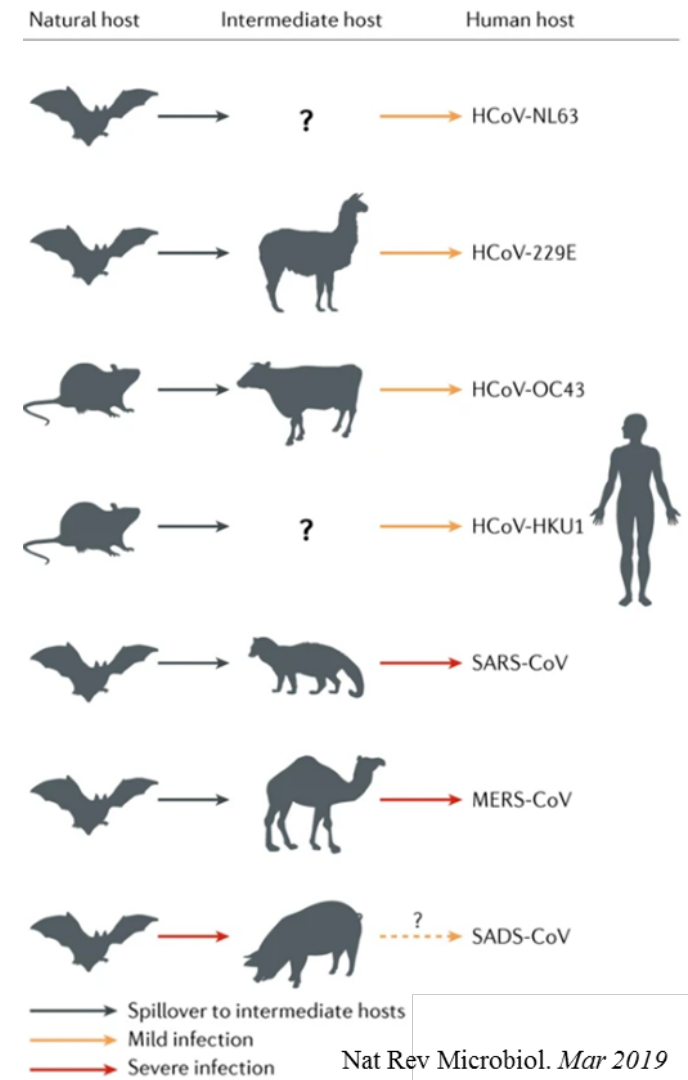
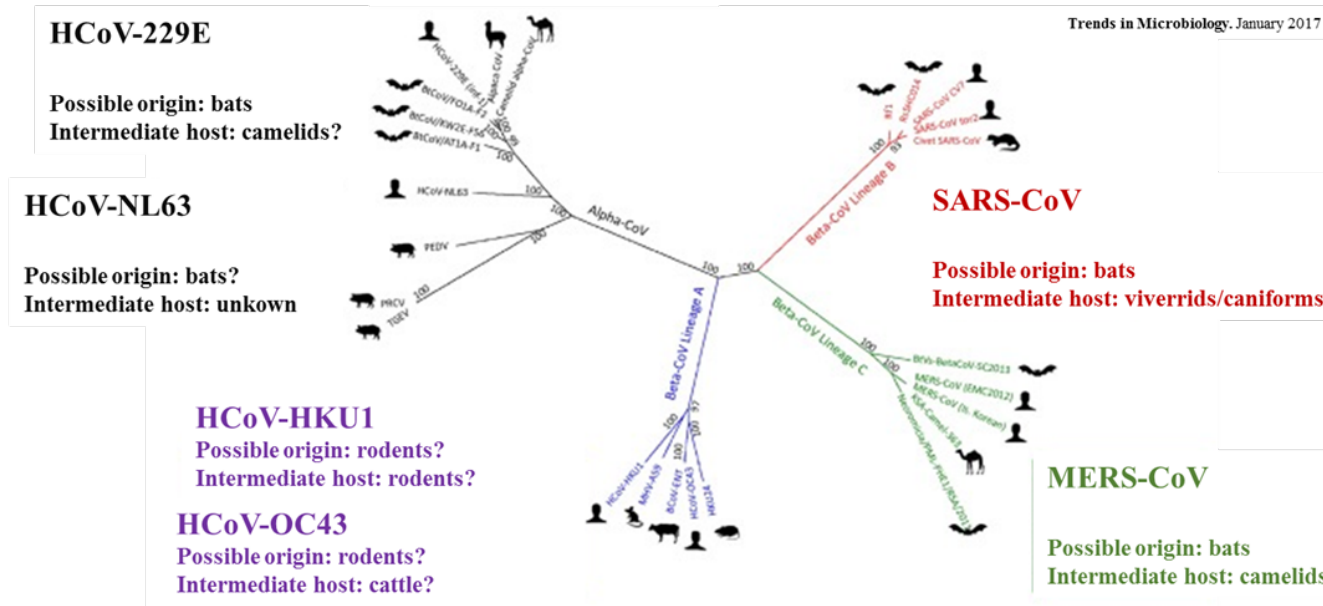
Common moorhen coronavirus HKU21



Porcine coronavirus HKU15



Ecologia dei coronavirus



Gastroenterite del cane

List of species in the genus *Alphacoronavirus*

Specie	
→	<i>Alphacoronavirus 1</i>
→	Canine coronavirus
	Canine coronavirus type I
	Canine coronavirus strain Elmo/02
	Canine coronavirus type II
	Canine coronavirus strain NTU336/F/2008
	Feline coronavirus
	Feline coronavirus type I
	Feline coronavirus C1Je
	Feline coronavirus type II
	Feline infectious peritonitis virus WSU 79-1146
	Porcine respiratory coronavirus
	Porcine respiratory coronavirus ISU-1
	Transmissible gastroenteritis virus
	Transmissible gastroenteritis virus virulent Purdue
→	<i>Human coronavirus 229E</i>
→	<i>Human coronavirus 229E</i>
→	<i>Human coronavirus NL63</i>
	Human coronavirus NL63 Amsterdam 1
→	<i>Miniopterus bat coronavirus 1</i>
	Miniopterus bat coronavirus 1A
	Miniopterus bat coronavirus 1A AFCD62
	Miniopterus bat coronavirus 1B
	Miniopterus bat coronavirus 1B AFCD307
→	<i>Miniopterus bat coronavirus HKU8</i>
	Miniopterus bat coronavirus HKU8 AFCD77/08/05 Mm
→	<i>Porcine epidemic diarrhea virus</i>
	Porcine epidemic diarrhea virus CV777
→	<i>Rhinolophus bat coronavirus HKU2</i>
	Rhinolophus bat coronavirus HKU2/HK/46/2006
→	<i>Scotophilus bat coronavirus 512</i>
	Scotophilus bat coronavirus 512/2005

Spiccato tropismo per le cellule enteriche

Atrofia dei villi, malassorbimento e diarrea



Eventi di mutazione in corso di infezione



Varianti pantropiche particolarmente virulente

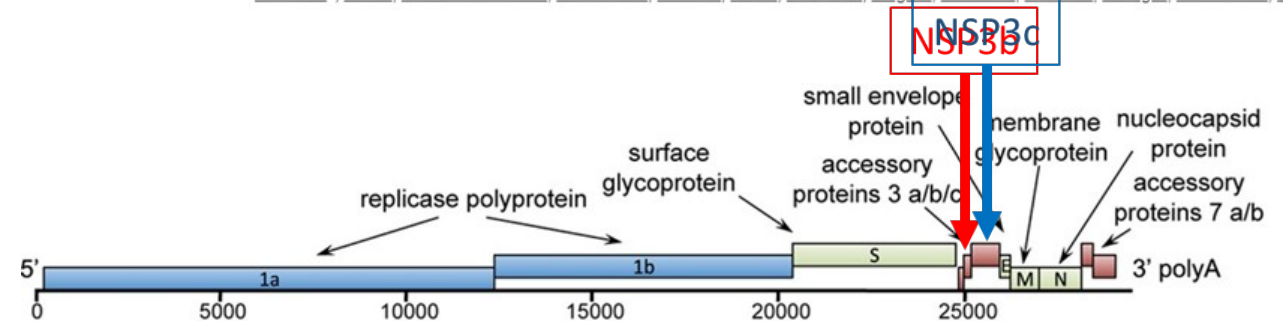
Canine coronavirus highly pathogenic for dogs

Buonavoglia
Emerg Infect Dis

Vet Microbiol. 2012 Sep 14;159(1-2):239-44. doi: 10.1016/j.vetmic.2012.03.039. Epub 2012 Apr 6.

A pantropic canine coronavirus genetically related to the prototype isolate CB/05.

Decaro N¹, Mari V, von Reitzenstein M, Lucente MS, Cirone F, Elia G, Martella V, King VL, Di Bello A, Varello K, Zhang S, Caramelli M, Buonavoglia C.



Peritonite infettiva felina

List of species in the genus *Alphacoronavirus*

Specie	
→	<i>Alphacoronavirus 1</i>
	Canine coronavirus
	Canine coronavirus type I
	Canine coronavirus strain Elmo/02
	Canine coronavirus type II
	Canine coronavirus strain NTU336/F/2008
→	<i>Feline coronavirus</i>
	Feline coronavirus type I
	Feline coronavirus C1Je
	Feline coronavirus type II
	Feline infectious peritonitis virus WSU 79-1146
	Porcine respiratory coronavirus
	Porcine respiratory coronavirus ISU-1
	Transmissible gastroenteritis virus
	Transmissible gastroenteritis virus virulent Purdue
→	<i>Human coronavirus 229E</i>
→	<i>Human coronavirus 229E</i>
→	<i>Human coronavirus NL63</i>
→	<i>Human coronavirus NL63 Amsterdam 1</i>
→	<i>Miniopterus bat coronavirus 1</i>
	<i>Miniopterus bat coronavirus 1A</i>
	<i>Miniopterus bat coronavirus 1A AFCD62</i>
	<i>Miniopterus bat coronavirus 1B</i>
	<i>Miniopterus bat coronavirus 1B AFCD307</i>
→	<i>Miniopterus bat coronavirus HKU8</i>
→	<i>Miniopterus bat coronavirus HKU8 AFCD77/08/05 Mm</i>
→	<i>Porcine epidemic diarrhea virus</i>
→	<i>Porcine epidemic diarrhea virus CV777</i>
→	<i>Rhinolophus bat coronavirus HKU2</i>
→	<i>Rhinolophus bat coronavirus HKU2/HK/46/2006</i>
→	<i>Scotophilus bat coronavirus 512</i>
→	<i>Scotophilus bat coronavirus 512/2005</i>

Feline coronavirus type I

Due sierotipi

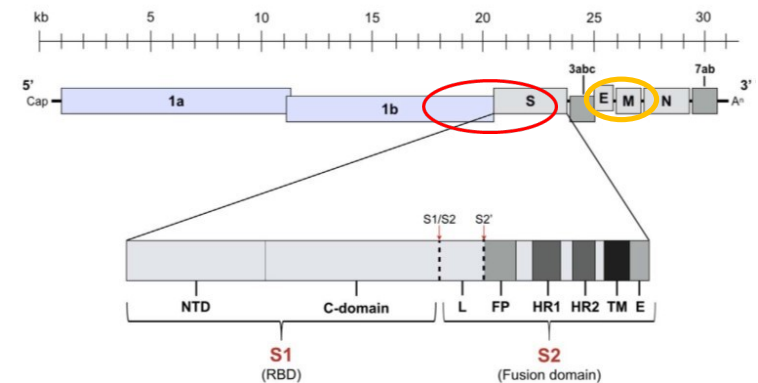
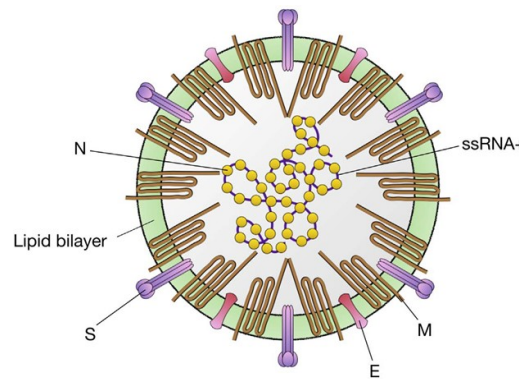
Feline coronavirus type II

- ≈ 95% delle infezioni in Europa e in America
- E' il coronavirus felino propriamente detto
- ≈ 25% delle infezioni in Asia
- E' il risultato di due eventi di ricombinazione omologa tra FCoV I e CCoV

1^a Ricombinazione coinvolge la sequenza S al suo 5' e una parte della pol

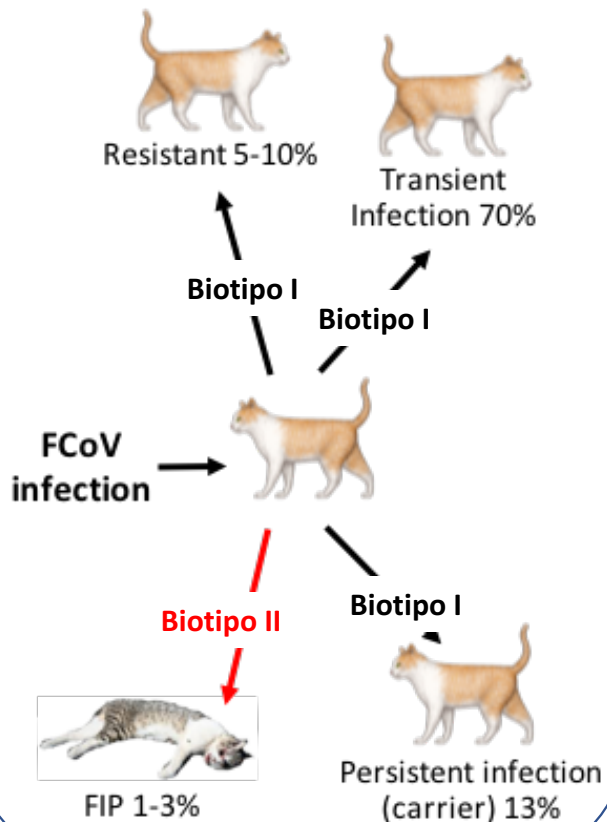
2^a Ricombinazione coinvolge i geni E ed M

L'esatta localizzazione dei siti ricombinativi varia tra i diversi isolati. I differenti ceppi di FCoV II sono da considerare come l'esito di eventi ricombinativi indipendenti in soggetti in cui si determina una co-infezione FCoV I / CCoV



Peritonite infettiva felina (FIP)

Sia FCoV I che FCoV II possono esistere come due diversi biotipi

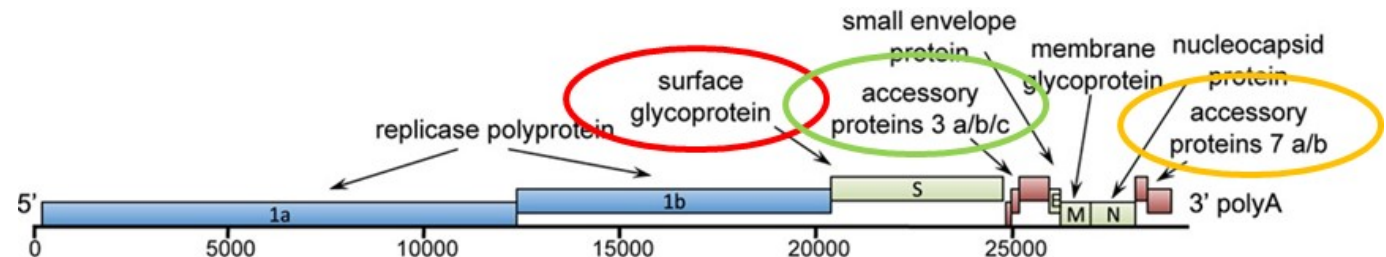


Biotipo I: Feline Enteric Coronavirus Virus (FECV)

The mutation theory suggests that asymptomatic FECV infected cats will be exposed to repeated cycles of infection recovery-reinfection with the virus, and mutations of the FECV inside the animal will allow the virus to expand its virulence and tropism, becoming an FIPV, but losing its transmissibility

Mutazioni a carico dei geni S, 3abc e 7ab.
Diversi isolati esibiscono profili di mutazione diversi

Biotipo II: Feline Infectious Peritonitis Virus (FIPV)



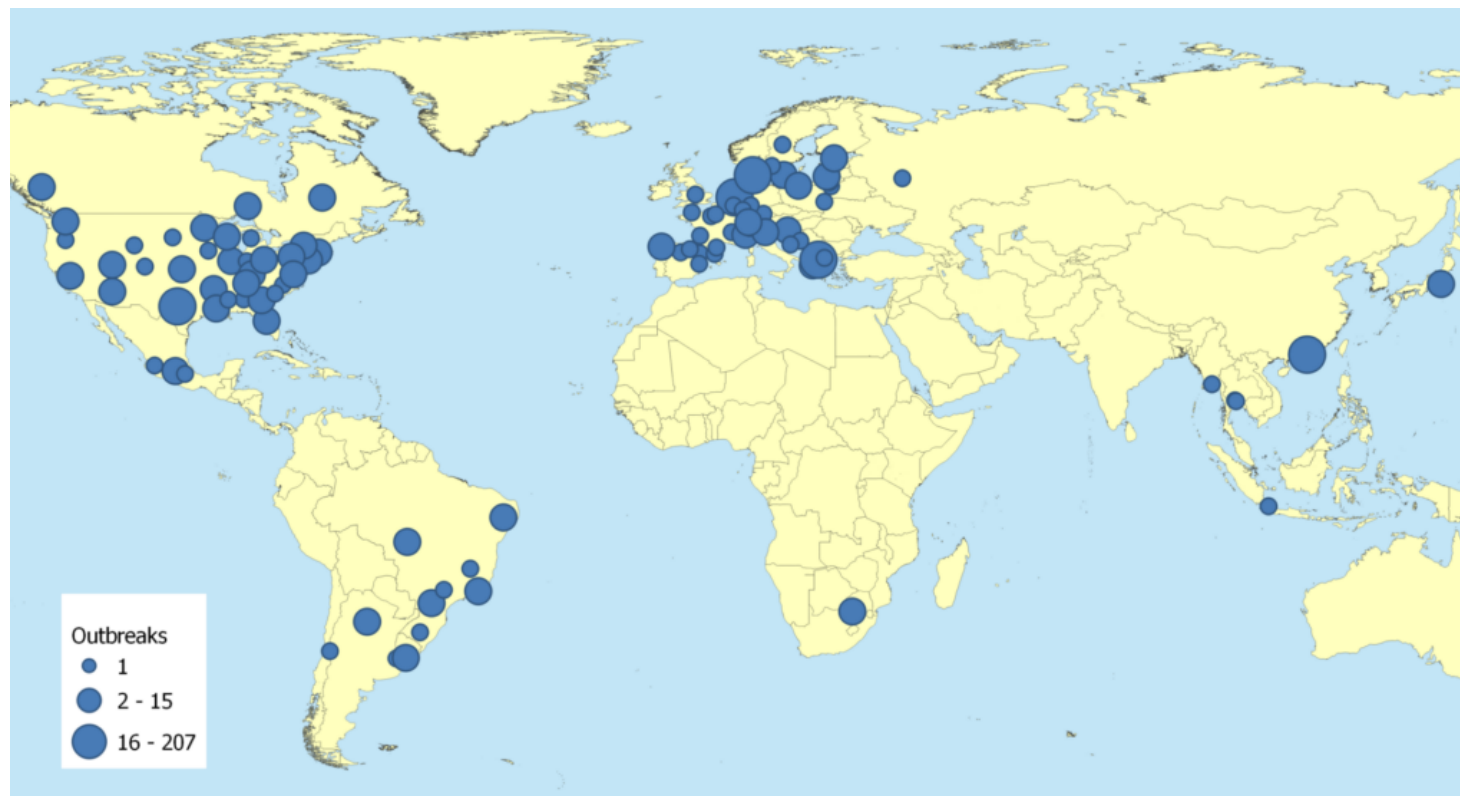
Enterite



FIP

SARS-CoV-2 in animals

- Cane
- Gatto
- Puma
- Visone
- Leone
- Tigre
- Furetto
- leopardo dell'Amur
- leopardo delle nevi
- Gorilla
- Cervo dalla coda bianca
- Lontra





Allevamenti colpiti

- Olanda
- Danimarca (290 su 1200)
- Spagna
- USA
- Canada
- Talia (2)

15.000.000 minks culled in Denmark



Visone americano (*Neovison vison*)



Multiple spillovers and onward transmission of SARS-CoV-2 in free-living and captive White-tailed deer (*Odocoileus virginianus*)

Authors: Suresh V. Kuchipudi,^{1#} Meera Surendran-Nair¹, Rachel M. Ruden^{2,3}, Michelle Yon⁴, Ruth H. Nissly¹, Rahul K. Nelli³, Lingling Li⁴, Bhushan M. Jayarao⁴, Kurt J. Vandegrift⁵, Costas D. Maranas⁶, Nicole Levine⁷, Katriina Willgert⁸, Andrew J. K. Conlan⁸, Randall J. Olsen^{9,10}, James J. Davis¹¹, James M. Musser^{9,10}, Peter J. Hudson⁵, and Vivek Kapur^{7#}

test the hypothesis that SARS-CoV-2 may be circulating in deer, we evaluated 283 retropharyngeal lymph node (RPLN) samples collected from 151 free-living and 132 captive deer in Iowa from April 2020 through December of 2020 for the presence of SARS-CoV-2 RNA. Ninety-four of the 283 deer (33.2%; 95% CI: 28, 38.9) samples were positive for SARS-CoV-2 RNA as assessed by RT-PCR. Notably, between Nov 23, 2020 and January 10, 2021, 80 of 97 (82.5%; 95% CI 73.7, 88.8) RPLN samples had detectable SARS-CoV-2 RNA by RT-PCR. Whole genome sequencing of the 94 positive RPLN samples identified 12 SARS-CoV-2 lineages, with B.1.2 ($n = 51$; 54.5%), and B.1.311 ($n = 19$; 20%) accounting for ~75% of all samples. The geographic distribution and nesting of clusters of deer and human lineages strongly suggest multiple zoonanthroponotic spillover events and deer-to-deer transmission. The discovery of sylvatic and enzootic SARS-CoV-2 transmission in deer has important implications for the ecology and long-term persistence, as well as the potential for spillover to other animals and spillback into humans.



© Jeffrey Jang

Piattaforma I-Co-Gen: sorveglianza genomica nazionale di SARS-CoV-2

Istituto Superiore di Sanità

Circa 70 laboratori regionali partecipano alla sorveglianza genomica di COVID-19 mediante sequenziamento. Otto sono IIZZSS

IRIDARIES

Benvenuti nella Piattaforma IRIDA-ARIES

IRIDA (Integrated Rapid Infectious Disease Analysis) ARIES (Advanced Research Infrastructure for Experimentation in GenomicS) è una infrastruttura disegnata per la raccolta, analisi automatica dei dati e scambio di informazioni derivanti dalla caratterizzazione genomica degli agenti infettivi. È stata sviluppata per fornire agli operatori di sanità pubblica gli strumenti necessari per utilizzare i dati di caratterizzazione genomica dei microrganismi in supporto alla sorveglianza delle malattie infettive. IRIDA è un software open-source sviluppato da un consorzio di base in Canada (irida.ca).

ARIES è un'istanza Galaxy sviluppata dal Laboratorio Europeo di Riferimento per *E. coli* installata sui servers dell'Istituto Superiore di Sanità che fornisce uno spettro completo di strumenti per l'analisi dei dati ad alta intensità dedicata alla microbiologia di sanità pubblica (<https://w3.iss.it/site/aries/>).

La piattaforma IRIDA-ARIES è stata concepita ed adattata alle necessità della sorveglianza genomica nazionale italiana dal Dipartimento di Sicurezza Alimentare, Nutrizione e Sanità Pubblica Veterinaria dell'Istituto Superiore di Sanità.

Stefano Morabito (project coordinator), **Arnold Knijn** (developer and administrator).



ISS



Log In

[Password Dimenticata](#)

[Attivare Account](#)

Depositare dagli IIZZSS
13.798 sequenze su 69.957



www.iss.it/sicurezza-alimentare-nutrizione-e-sanità-pubblica-veterinaria