

# IZS

T E R A M O

/

ISTITUTO  
ZOOFILATTICO  
SPERIMENTALE  
DELL'ABRUZZO  
E DEL MOLISE  
"G. CAPORALE"

## **Approcci innovativi per la caratterizzazione e il tracciamento del virus dell'Epatite E**

*I risultati della ricerca corrente condotta dall'IZS-Teramo. Anno 2024  
10 Giugno 2025*

*Silvia Scattolini*

**IZS AM 05/21 RC: Sorveglianza Epidemiologica e sviluppo di Tecniche diagnostiche WGS per il miglioramento delle attività di caratterizzazione virale, filogenesi, clusterizzazione ed Identificazione delle Sorgenti di infezione - VESETIS**

**Responsabile scientifico del progetto:**  
**Giuseppe Aprea**

<b>N. identificativo</b>	<b>Ente appartenenza</b>	<b>Responsabile scientifico</b>
U.O. 1 IMS	IZS AM – Igiene e tecnologia degli alimenti	Silvia Scattolini
U.O. 2 IMS	IZS AM – GENPAT	Iolanda Mangone
U.O. 3 IMS	IZS AM – COVEPI	Francesca Cito
U.O. 4 IMS	IZS AM – Sezione Campobasso	Lucio Marino
U.O. 5 IMS	IZS AM – Sezione Pescara	Fabrizio De Massis
U.O. 6 IMS	IZS AM – Sezione Avezzano	Stefania Salucci
U.O.7 EMS	ISS	Anna Rita Ciccaglione

# IZS

T E R A M O

ISTITUTO  
ZOOFILATTICO  
SPERIMENTALE  
DELL'ABRUZZO  
E DEL MOLISE  
"G. CAPOREALE"

## Background



Problematica **emergente** di sanità pubblica

**Virus a trasmissione alimentare:** discussione a livello europeo (EFSA Opinion HEV, 2017)

**Abruzzo: “hot spot”** l’infezione nell’uomo ed elevata prevalenza negli animali selvatici (Aprea et al. 2018).

Fondamentale il rintraccio della sorgente («**source attribution**»)

Caratterizzazione molecolare: **sequenze genomiche di poche centinaia di basi, ORF 1** (Preiss et al., 2006, Johne et al., 2010) e **ORF2** (Preiss et al., 2006)

**Vina-Rodriguez et al. (2015): sequenze > 1.000 nucleotidi** per la classificazione di HEV

**Smith et al., (2020): sequenze > 5.000 nucleotidi** per le analisi filogenetiche

**EFSA (EFSA Opinion HEV, 2017): intera sequenza genomica (7176 nucleotidi)** consentirebbe la migliore caratterizzazione di HEV



## Gap attuali

**Organi di animali selvatici o alimenti trasformati scarsamente contaminati**



**Scarsa resa di RNA (qualità e quantità)**

**Sequenze genomiche parziali non idonee per studi di filogenesi**

Aprea, Giuseppe, et al. "Whole genome sequencing characterization of HEV3-e and HEV3-f subtypes among the wild boar population in the Abruzzo region, Italy: First report." *Microorganisms* 8.9 (2020): 1393.



*microorganisms*

**Impossibilità di coltivazione di HEV su colture cellulari e replicazione in vitro**

**Debole interazione tra gli attori di sanità pubblica e veterinaria ai fini di identificazione tempestiva di casi umani/focolai di HEV e attivazione sistema di flusso dati e raccolta campioni**

Rafforzare il flusso di comunicazione tra i settori che si occupano di sorveglianza di HEV: **sanità pubblica, sicurezza alimentare e sanità animale** per miglioramento **flusso di dati** ai fini di una **tempestiva indagine epidemiologica** attraverso l'individuazione/creazione di **protocolli standardizzati**.

Messa a punto di nuovi protocolli di **sequenziamento** per miglioramento della **caratterizzazione** con conseguente **individuazione delle sorgenti di infezioni** in caso di **focolai**.

Valutazione della **diffusione dell'infezione da HEV in Abruzzo e regioni limitrofe**

**Work flow diagnostico** con approccio **WGS** per ottenere sequenze complete (**campioni biologici e di alimenti**).

Valutazione del **potenziale ruolo svolto dagli animali domestici/selvatici nell'epidemiologia dell'infezione da HEV nell'uomo**.





## Cronoprogramma

### WP 1

Attuazione dei protocolli per la sorveglianza One-Health di HEV



### WP 2

Raccolta dei campioni e rilevamento di RNA di HEV (screening)



### WP 3

Sviluppo di nuovi processi analitici per il miglioramento della caratterizzazione di HEV dei campioni e rilevamento di RNA di HEV (screening)



### WP 4

Analisi dei dati e diffusione dei risultati



## WP1: Attuazione dei protocolli per la sorveglianza One-Health di HEV

### U.O. 3 – IZSAM-COPEPI

Stesura di un report descrittivo della sorveglianza a livello locale

- ✓ Sanità pubblica
- ✓ Sicurezza alimentare e sanità animale



### Sanità pubblica

**Europa:** sistemi di sorveglianza dell'Epatite E non armonizzati

**ECDC:** guida operativa (ECDC, 2019) basata sui criteri per i test clinici e per la definizione dei casi acuti e cronici stabiliti dall'Associazione europea per lo studio del fegato (EASL).

**Italia:** malattia soggetta a notifica e definizione ufficiale di "caso" e "focolaio" in linea con quanto definito dall'ECDC



### caso di epatite E

qualsiasi persona che soddisfi criteri clinici e di laboratorio



## WP1: Attuazione dei protocolli per la sorveglianza One-Health di HEV

### Sanità animale

**Virus dell'epatite E:** non incluso nell'elenco degli agenti zoonotici (Direttiva 2003/99/CE) **non è una malattia soggetta a notifica e non sono previste attività di sorveglianza.** In alcuni casi si effettuano attività di monitoraggio su animali rinvenuti morti o nell'ambito di progetti di ricerca finalizzati a colmare le mancanze di informazioni in questo ambito, per i quali è previsto il campionamento di sangue/siero e/o di fegato, feci e l'applicazione di metodi analitici quali l'RT-PCR real time, l'ELISA per l'individuazione di Ab e occasionalmente, la caratterizzazione molecolare

### Sicurezza alimentare

HEV non è considerato tra i criteri microbiologici di sicurezza alimentare (Regolamento (CE) n. 2073/2005) e quindi non sono previste attività di sorveglianza nell'ambito della sicurezza alimentare.

Casi di focolai di tossinfezione alimentare e sporadici programmi di monitoraggio con campionamento di tessuti e organi di suidi.

## WP1: Attuazione dei protocolli per la sorveglianza One-Health di HEV

### 1. Diversità tra le ASL abruzzesi

Modalità operative differenti nelle 4 ASL

Differenze nei protocolli e risorse per l'indagine epidemiologica sui focolai di tossinfezione alimentare

### 2. Problemi di coordinamento regionale

Mancanza di coordinamento efficace tra le ASL per lo scambio di informazioni  
Limitata capacità di risposta rapida e mirata

### 3. Proposta di flusso operativo integrato

Sistema integrato e coordinato per ottimizzare gli interventi

Raccolta e comunicazione dati tramite un questionario integrato collegato ai protocolli SEIEVA e al sistema PREMAL

### 4. Obiettivo

Creare una rete di comunicazione efficiente e trasparente  
Garantire interventi rapidi in caso di focolai

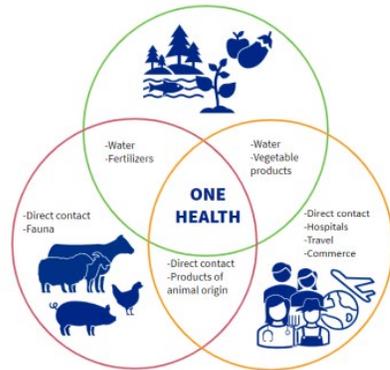
### 5. Linee guida

Dettagli nelle Linee guida (Allegato 4)

## WP2: Raccolta dei campioni e rilevamento di RNA di HEV (screening)

### APPROCCIO ONE-HEALTH

**One-Health** promosso da organizzazioni internazionali come l'OMS, la FAO, l'OIE (ora WOAH) e il Programma delle Nazioni Unite per l'Ambiente (UNEP) è un approccio integrato e multidisciplinare che riconosce l'interconnessione tra salute umana, salute animale e salute dell'ambiente. Mira a sviluppare strategie coordinate e collaborative per prevenire e affrontare problemi sanitari globali — come **le malattie infettive emergenti, l'antibiotico-resistenza o i cambiamenti climatici** — che coinvolgono più specie e contesti ecologici.



### Principi fondamentali di One Health:

- **Collaborazione tra professionisti della medicina umana, veterinaria, scienze ambientali, agronomia, ecc.**
- **Prevenzione e controllo integrati delle malattie trasmissibili tra animali e uomini (zoonosi).**
- **Gestione sostenibile degli ecosistemi per ridurre i rischi per la salute.**
- **Sorveglianza condivisa tra settori per una risposta rapida alle emergenze sanitarie.**

“One Health is an integrated, unifying approach that aims to sustainably balance and optimize the health of people, animals and ecosystems. It recognizes the health of humans, domestic and wild animals, plants, and the wider environment (including ecosystems) are closely linked and interdependent.” — World Health Organization (WHO), 2021WHO, One Health

## WP2: Raccolta dei campioni e rilevamento di RNA di HEV (screening)



838 campioni di fegato di diverse tipologie di mammiferi ungulati (prevalentemente cinghiali) prelevati nell'ambito del Piano di monitoraggio per la fauna selvatica



23 campioni di acque reflue analizzati nell'ambito del Piano di Sorveglianza di Sars CoV2 nelle acque reflue (SARI)



268 campioni di feci di suino analizzati nell'ambito del Progetto EJP Biopigee



1 campione di salamella di fegato di suino positivo ad HEV in seguito ad un focolaio del 2020 (Aprea et al., 2020)



70 campioni di siero umano

# IZS

T E R A M O

/

ISTITUTO  
ZOOPIROFILATTICO  
SPERIMENTALE  
DELL'ABRUZZO  
E DEL MOLISE  
"G. CAPORALE"

## Animali selvatici (prevalentemente cinghiali) fungono da reservoir (De Massis F. et al., 2022)

## Acque reflue Progetto SARI

 **frontiers** | Frontiers in Veterinary Science

TYPE Original Research  
PUBLISHED 18 April 2023  
DOI 10.3389/fvets.2023.1136225

 Check for updates

OPEN ACCESS

EDITED BY  
Roswitha Merle,  
Freie Universität Berlin, Germany

REVIEWED BY  
Vasilis Papatziros,  
University of Thessaly, Greece  
Leena Maunula,  
University of Helsinki, Finland

\*CORRESPONDENCE  
Enrico Pavoni  
 enrico.pavoni@izs.it

SPECIALTY SECTION  
This article was submitted to  
Veterinary Epidemiology and Economics,  
a section of the journal  
Frontiers in Veterinary Science

RECEIVED 02 January 2023  
ACCEPTED 29 March 2023  
PUBLISHED 18 April 2023

## Cross-sectional study of hepatitis E virus (HEV) circulation in Italian pig farms

Giovanni Ianiro<sup>1</sup>, Enrico Pavoni<sup>2\*</sup>, Giuseppe Aprea<sup>3</sup>,  
Romina Romantini<sup>3</sup>, Giovanni Loris Alborali<sup>2</sup>,  
Daniela D'Angelantonio<sup>3</sup>, Giuliano Garofolo<sup>3</sup>, Silvia Scattolini<sup>3</sup>,  
Luca De Sabato<sup>4</sup>, Chiara Francesca Magistrali<sup>4</sup>, Elke Burow<sup>5</sup>,  
Fabio Ostanello<sup>6</sup>, Richard Piers Smith<sup>7</sup> and Ilaria Di Bartolo<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Department of Food Safety, Nutrition and Veterinary Public Health, Istituto Superiore di Sanità, Rome, Italy, <sup>2</sup>Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna "Bruno Ubertini", Brescia, Italy, <sup>3</sup>Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "Giuseppe Caporale", Teramo, Italy, <sup>4</sup>Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche "Togo Rosati", Perugia, Italy, <sup>5</sup>Department of Biological Safety, German Federal Institute for Risk Assessment, Berlin, Germany, <sup>6</sup>Department of Veterinary Medical Sciences, University of Bologna, Ozzano dell'Emilia, Italy, <sup>7</sup>Department of Epidemiological Sciences, Animal and Plant Health Agency, Weybridge, United Kingdom



applied microbiology



Article

## Detection of Hepatitis E Virus (HEV) in Pigs and in the Wild Boar (*Sus scrofa*) Population of Chieti Province, Abruzzo Region, Italy

Fabrizio De Massis<sup>1</sup>, Giuseppe Aprea<sup>1</sup>, Silvia Scattolini<sup>1,\*</sup>, Daniela D'Angelantonio<sup>1</sup>,  
Alexandra Chiaverini<sup>1</sup>, Iolanda Mangone<sup>1</sup>, Margherita Perilli<sup>1</sup>, Giulia Colacicco<sup>1\*</sup>, Sabrina Olivieri<sup>1</sup>,  
Francesco Pomilio<sup>1</sup>, Adriano Di Pasquale<sup>1</sup>, Giacomo Migliorati<sup>1</sup>, Giovanni Di Paolo<sup>2</sup>, Chiara Morgani<sup>2</sup>  
and Angelo Giammarino<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "G. Caporale", 64100 Teramo, Italy  
<sup>2</sup> Azienda Sanitaria Locale Lanciano Vasto Chieti, Via Martiri Lancianesi, 17/19, 66100 Chieti, Italy  
\* Correspondence: s.scattolini@izs.it (S.S.); giulia.colacicco97@gmail.com (G.C.)



International Journal of  
Environmental Research  
and Public Health



Article

## Nine-Year Nationwide Environmental Surveillance of Hepatitis E Virus in Urban Wastewaters in Italy (2011–2019)

Marcello Iaconelli<sup>1</sup>, Giusy Bonanno Ferraro<sup>1</sup>, Pamela Mancini<sup>1</sup>, Elisabetta Suffredini<sup>2</sup>,  
Carolina Veneri<sup>1</sup>, Anna Rita Ciccaglione<sup>3</sup>, Roberto Bruni<sup>3</sup>, Simonetta Della Libera<sup>1</sup>,  
Francesco Bignami<sup>1</sup>, Massimo Brambilla<sup>4</sup>, Dario De Medici<sup>2</sup>, David Brandtner<sup>5</sup>,  
Pietro Schembri<sup>6</sup>, Stefania D'Amato<sup>7</sup> and Giuseppina La Rosa<sup>1,\*</sup>

## Campioni di feci di suino analizzati nell'ambito del progetto BIOPIGEE (One Health European Joint Programme within the project "Biosecurity practice for pig farming across Europe BIOPIGEE")

# IZS

T E R A M O

ISTITUTO  
ZOOPROFILATTICO  
SPERIMENTALE  
DELL'ABRUZZO  
E DEL MOLISE  
"G. CAPORALE"



1 campione di salamella di fegato di suino positivo ad HEV in seguito ad un focolaio del 2020 (Aprea et al., 2020)

Campioni di siero umano positivi ad HEV



Grazie alla collaborazione con l'ISS è stato possibile incrementare il numero di **campioni umani** da sottoporre a **sequenziamento completo del genoma** mediante la tecnica **AmpliSeq** per avere un quadro più dettagliato della circolazione di HEV e dei suoi sottotipi nel territorio e aumentare il numero di sequenze complete di HEV italiane da depositare e rendere disponibili per future indagini filogenetiche

# IZS

T E R A M O

ISTITUTO  
ZOOPROFILATTICO  
SPERIMENTALE  
DELL'ABRUZZO  
E DEL MOLISE  
"G. CAPORALE"

## WP2: Valutazione di metodi di estrazione di RNA di HEV

U.O. 4 – IZSAM– Sezione di Campobasso

25 campioni prelevati nell'ambito del Piano di sorveglianza della Fauna Selvatica e del Piano di Sorveglianza per la Peste Suina Africana e classica risultati positivi allo screening di HEV



Maxwell RSC simply RNA Tissue Kit  
sistema automatizzato

QIAamp Viral RNA Mini kit  
protocollo "spin procedure" mediante colonnine



## WP2: Valutazione di metodi di estrazione di RNA di HEV

ID	LOCATION	MATRIX	SPECIE	Ct Real Time	total reads	mapped reads	Hcov	genotype
2022.IS.3670.1.2	BONEFRO(CB)	Liver	Wild boar	21,1	376,894	348,752	95,5	3c
2020.IS.3611.1.3	PESCOLANCIANO(IS)	Liver	Wild boar	29,38	884,697	539243	97,65	3c
2022.CB.5553.1.6	RIPALIMOSANI(CB)	Liver	Wild boar	21,19	525,531	518,876	92,8	3f
2022.CB.5721.1.8	MONTENERO DI BISACCIA(CB)	Liver	Wild boar	23,05	665,528	618579	97,75	3c
2020.CB.4419.1.3	CANTALUPO NEL SANNIO (IS)	Liver	Swine	28,52	652,158	323333	97,6	3c
2022.CB.2258.1.4	MONTENERO DI BISACCIA(CB)	Liver	Wild boar	33,71	204,801	122407	97,65	3c

- **6 dei 25 campioni** estratti con il sistema automatizzato **Maxwell RSC** e con Ct da **21.19 a 33.71** sono stati inviati al **Centro di Referenza** per le **sequenze genomiche**. Tutti gli estratti inviati sono stati sequenziati con un ottimo **coverage** e a ciascuno è stato possibile assegnare un **genotipo**.
- Il sistema automatizzato **Maxwell RSC** è risultato essere **efficace** sia per un buon recupero in estrazione che per le **successive analisi di sequenziamento** per cui è risultato essere una buona tecnica alternativa di estrazione a quella effettuata con kit che utilizzano le colonnine.

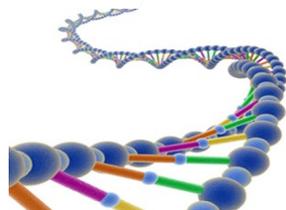
## WP3: Sviluppo di nuovi processi analitici per il miglioramento della caratterizzazione di HEV

U.O. 2 – IZSAM– Reparto di Biologia molecolare e tecnologie omiche

E' stato testato il pannello AmpliSeq: disegno dei primers realizzato in collaborazione con il supporto informatico Thermo Fisher Scientific specifico per genotipi HEV circolanti sul territorio italiano (3c, 3e, 3f, 3l e 3n) e utilizzo della piattaforma di sequenziamento S5 Ion Torrent (Thermo Fisher Scientific).

Sono stati scelti **454 genomi** prendendo in considerazione le sequenze genomiche di riferimento disponibili in **GenBank** (Nicot et al., 2021) e le **sequenze HEV** complete già analizzate con la piattaforma **Illumina** nei laboratori dell'IZS Teramo:

- **414 genotipo 3:** in particolare 3c, 3e, 3f, 3l e alcuni 3 non sottotipizzati (sequenze target)
- **40 genotipi 1, 2, 4, 5, 6, 7 e a sottotipi del genotipo 3** non presenti ad oggi sul territorio nazionale (sequenze non target)



## WP3: Sviluppo di nuovi processi analitici per il miglioramento della caratterizzazione di HEV

Prima prova di sequenziamento: librerie di 100 bp con lunghezza inferiore a quella attesa (200 bp) e copertura del genoma non ottimale.

Barcode Name	Sample	Bases	$\geq Q20$	Reads	Mean Read Length	Read Length Histogram
IonCode_0511	AZ6520	43,276,359	38,279,274	406,275	106 bp	
IonCode_0512	AZ7336	80,536,589	72,173,289	747,128	107 bp	

Seconda prova di sequenziamento: 3 repliche dello stesso campione e per ciascuna replica modifica nei tempi di amplificazione (2, 4 e 8 minuti) il campione con tempo di annealing di 8 minuti ha prodotto reads con una lunghezza media di 190bp e la sequenza consensus ottenuta dopo mapping è risultata completa.

Barcode Name	Sample	Bases	$\geq Q20$	Reads	Mean Read Length	Read Length Histogram
No barcode	none	41,888,151	34,425,466	315,814	132 bp	
IonCode_0514	Sample 1_HEV	55,411,399	49,169,050	534,001	103 bp	
IonCode_0515	Sample 2_HEV	188,978,111	169,635,523	990,651	190 bp	
IonCode_0516	Sample 3_HEV	83,900,747	76,333,928	581,952	144 bp	

## WP3: Sviluppo di nuovi processi analitici per il miglioramento della caratterizzazione di HEV

Campioni analizzati: 103 campioni positivi ad HEV

65 campioni nell'ambito della sorveglianza effettuata da IZSAM

Matrici: siero, fegato, cistifellea, feci, un alimento

38 campioni di siero umano forniti dall'ISS

Ct Real Time PCR: ampio range di Ct da 17 a 40

Per la maggior parte dei campioni (97), i cui Ct erano compresi tra 17 e 36, sono state generate sequenze con le seguenti caratteristiche:

HCoV: coverage orizzontale da 50% a 98%

Le sequenze con coverage orizzontale >50% sono in corso di sottomissione al database GenBank

Coverage verticale medio di 5463x (range da 13x a 52339x)

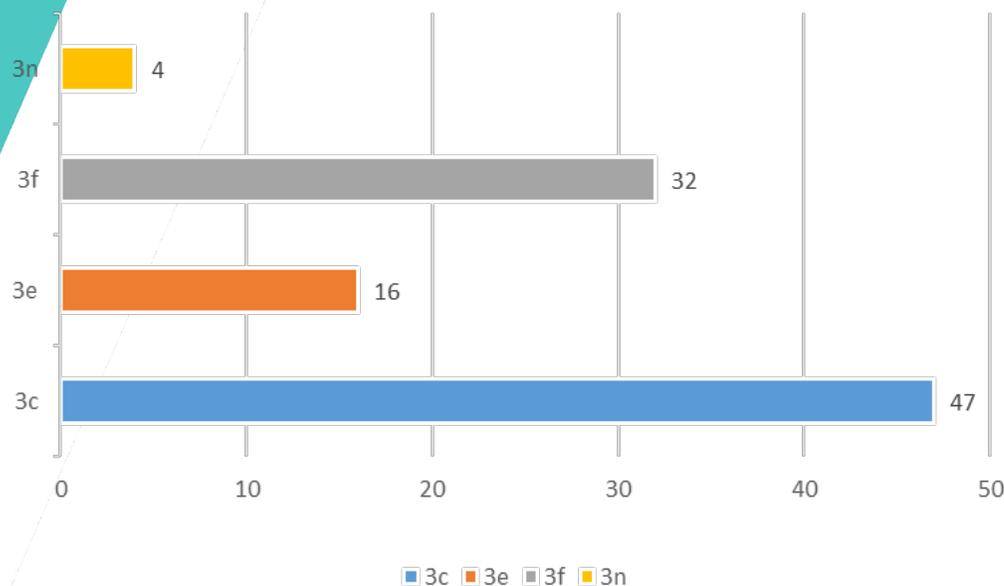
Campione ID	matrice	ospite	Ct Real Time PCR	H Cov	sottotipo
2023.AZ.5152.1.6	fegato	cinghiale	17.4	93.5%	HEV3f
	cistifellea				
2019.PE.8890.2.3	a	cinghiale	19,01	97,65%	HEV3c
2021.TE.283609.1.19	feci	suino	19,01	96.9%	HEV3f
2022.IS.3670.1.2	fegato	cinghiale	21,05	95.5%	HEV3c
2021.TE.298369.1.20	feci	suino	21.28	80.3%	HEV3f
2022.AZ.1770.1.10	fegato	cinghiale	22.8	97.26%	HEV3n
2022.PE.7413.1.1	siero	uomo	23	90,25%	HEV3e
	salamella				
2020.AZ.5202.1.3	suino	suino	29.3	90.38%	HEV3e
2023.AZ.4803.1.8	fegato	cinghiale	30.1	98.9%	HEV3c
2023.TE.8140.1.5	fegato	cinghiale	26.66	97,6%	HEV3c
2020.IS.3709.1.1	fegato	cinghiale	27.05	97.6%	HEV3c
				79.68%	
2022.TE.47257.1.4	fegato	cinghiale	27,33		HEV3a
				97.65%	
2022.CB.2258.1.4	fegato	cinghiale	33,71		HEV3c
396_39_BC527	siero	uomo	19	98.07	HEV3n
393_38_BC536	siero	uomo	22.17	98.07	HEV3i
332_1_BC517	siero	uomo	27,56	94.25	HEV3e

Questo protocollo ha consentito di ottenere sequenze pressoché complete del genoma virale anche a partire da una scarsa quantità e qualità di RNA ottenendo una copertura di oltre l'80% del genoma



## WP4: Analisi dei dati- Analisi filogenetica

### Distribuzione sottotipi:



### Sottotipi HEV identificati:

Sottotipo 3c → prevalente nei cinghiali

Sottotipo 3e → prevalente nei campioni umani e campione di **salamella suino**

Sottotipo 3f → presente in campioni veterinari e umani (identità nucleotidica >99%)

Sottotipo 3n → 2 campioni umani e un campione di fegato (Pierini et al, 2020)

### Sottotipi non inclusi nel pannello dei primers:

Sottotipo 3a → 1 campione di fegato di cinghiale

Sottotipo 3i → 1 campione di siero umano



## Conclusioni

- ✓ La mancanza di un **sistema di sorveglianza centralizzato e integrato** ostacola una **risposta tempestiva e mirata** in corso di **focolai epidemici** limitando la capacità di monitorare l'**evoluzione dell'epatite E in Italia**.
- ✓ Il progetto ha adottato un **approccio One Health** con l'obiettivo di **armonizzare la sorveglianza tra i vari settori** per:
  - **raccogliere dati** provenienti da tutte le fonti pertinenti
  - **promuovere la cooperazione tra enti locali, regionali e nazionali** in un sistema di gestione delle **emergenze sanitarie**
  - **migliorare la tempestività e l'efficacia della risposta ai focolai**.
- ✓ **Sollecito dei presidi ospedalieri territoriali (Abruzzo e regioni limitrofe)** alla **notifica di epatiti virali umani all'ISS**.
- ✓ Sono state ampliate le attività di **screening e sequenziamento** su **diverse tipologie di matrici** pervenute in Istituto e su **sieri umani** presenti della banca biologica dell'ISS per avere un quadro più dettagliato dei **ceppi virali di HEV circolanti in Abruzzo e regioni limitrofe**.
- ✓ E' stata valutata una nuova strategia **WGS**, basata sull'**amplificazione specifica dell'intero genoma virale** tramite un **pannello AmpliSeq** che ha migliorato notevolmente il processo di **sequenziamento dell'intero genoma di HEV** e, di conseguenza, la sua **caratterizzazione genomica**. Inoltre, lo sviluppo di questa tecnica, che permette di ottenere dati genomici completi anche da campioni complessi, permetterà di arricchire i **database**, supportare **gli studi filogenetici** e migliorare la **sorveglianza dell'HEV in Italia** attraverso un aiuto fattivo nell'**individuazione di future sorgenti di infezione**.
- ✓ L'approccio "**One Health**" ha gettato le basi per una **stretta collaborazione tra enti** per una **risposta più tempestiva e coordinata ai focolai**, migliorando potenzialmente così la **gestione e la protezione di HEV** per la **salute pubblica nei focolai** che si presenteranno nel futuro.

# IZS

T E R A M O

ISTITUTO  
ZOOFILATTICO  
SPERIMENTALE  
DELL'ABRUZZO  
E DEL MOLISE  
"G. CAPORALE"

## Ringraziamenti

**Francesca Cito** – COVEPI

**Iolanda Mangone** – GENPAT

**Elga Tieri, Daniela Averaimo e Antonio Cocco e tutto il team del** –  
Reparto Diagnostica Specialistica IZS Teramo

**Maurilia Marcacci** – Reparto di Biologia molecolare e Tecnologie omiche

**Valentina Curini** – Reparto di Biologia molecolare e Tecnologie omiche

**Lucio Marino** – Sezione di Campobasso

**Ilaria del Matto** – Sezione di Campobasso

**Fabrizio De Massis** – Sezione di Pescara

**Stefania Salucci** – Sezione di Avezzano

**Annarita Ciccaglione** – ISS CRN Epatiti virali e Malattie da Oncovirus e  
Retrovirus

# IZS

T E R A M O

/

**ISTITUTO  
ZOOPROFILATTICO  
SPERIMENTALE  
DELL'ABRUZZO  
E DEL MOLISE  
"G. CAPORALE"**

**...Grazie per l'attenzione!**