PROVIDENT
STEPS FORWARD FOR DIGITAL AND REAL TIME SURVEILLANCE OF INFECTIOUS DISEASES IN ITALY

ISTITVTO SVPERIORE DI SANITÀ

Workshop «Capacity buiding per i sistemi di sorveglianza delle Malattie Infettive in Italia ed il progetto PROVIDENT: stato dell'arte ed interventi di miglioramento»

5 novembre 2026
Piattaforma Teams

Una roadmap per la sorveglianza delle parassitosi gastrointestinali: formazione, prove valutative inter-laboratorio ed indagine pilota

Marco Lalle
Istituto Superiore di Sanità

Cofinanziato dall'Unione europea

Co-finanziato dall'Unione Europea. Le opinioni espresse sono tuttavia solo quelle dell'autore/degli autori e non riflettono necessariamente quelle dell'Unione Europea o di HADEA. Né l'Unione Europea né l'autorità concedente possono esserne ritenute responsabili.

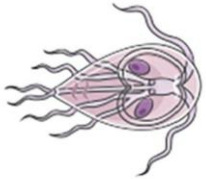
Decreto Ministero Salute 22 luglio 2022 concernente
il Sistema di segnalazione delle malattie infettive (PREMAL)

CODICE ICD9-CM - MALATTIA	Malattia che genera allerta il medico segnala all'Azienda sanitaria il caso sospetto entro dodici ore
022 – ANTRACE	X
088.81 – BORRELIOSI	
005.1 – BOTULISMO	X
023 – BRUCELLOSI	
001 – COLERA	X
007.4 – CRIPTOSPORIDIOSI	
061 – DENGUE	X
110 – DERMATOFITOSI	
032 – DIFTERITE	X
122 – ECHINOCOCCOSI	
063 – ENCEFALITE VIRALE DA ZECCHE	
064 – ENCEFALITE VIRALE TRASMESSA DA ARTROPODI	
070.1 – EPATITE VIRALE A	X
070.3 – EPATITE VIRALE B	
070.51 – 070.54 , EPATITE VIRALE C	
070.52 – EPATITE VIRALE D	
070.53 – EPATITE VIRALE E	
070.9 – EPATITI VIRALI ACUTE ALTRE	
066.3 – CHIKUNGUNYA	X
078.89 – FEBBRE EMORRAGICA VIRALE	X
060 – FEBBRE GIALLA	X
083.0 – FEBBRE Q	
002 – FEBBRE TIFOIDE E PARATIFOIDE	
066.4 – FEBBRE VIRALE WEST NILE	X
007.1 – GIARDIASI	

Cryptosporidium



Giardia



Inclusi nell'elenco delle malattie infettive a dichiarazione dichiarabile in PREMAL

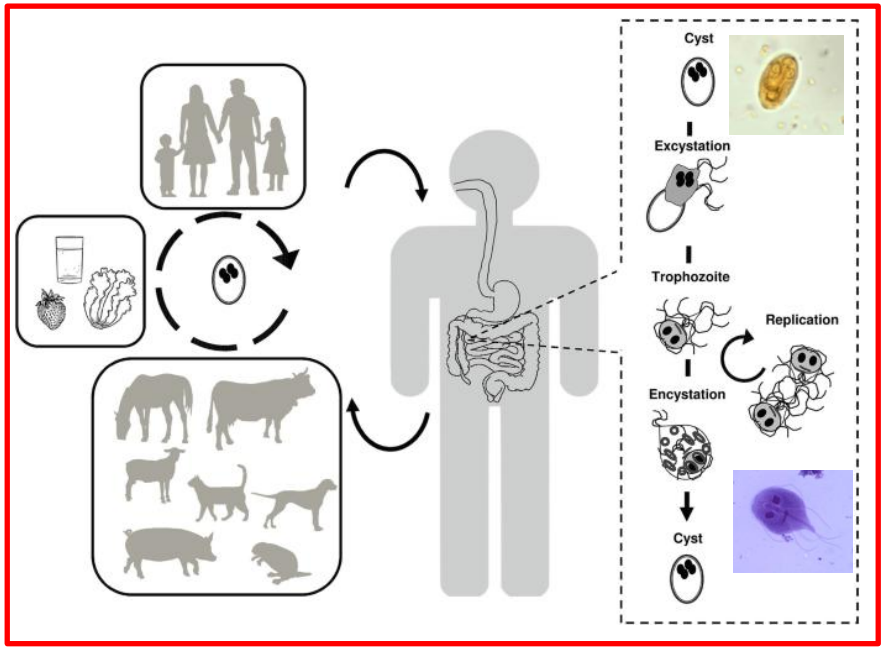
MA

- ❑ Un sistema di sorveglianza attivo non è ancora in atto!
- ❑ Le informazioni solide sull'impatto di queste malattie in Italia sono scarse

Cofinanziato dall'Unione europea

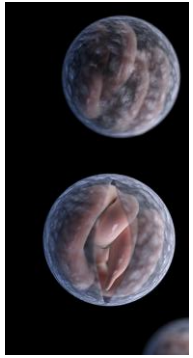
Giardia duodenalis

Flagellato
causa la GIARDIASI
Parassita extracellulare
Fissione binaria
Ciclo virtale in un unico ospite

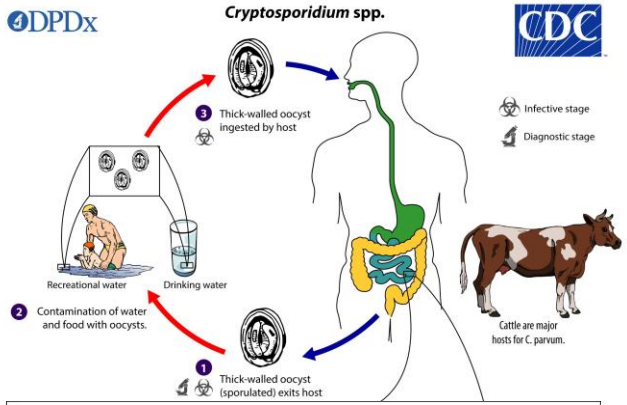


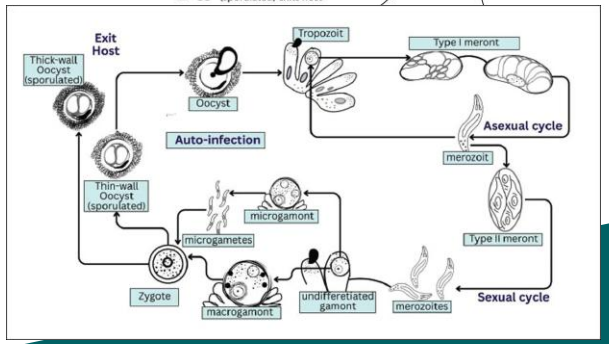
Cryptosporidium spp.

Parassita Apicomplexa (Coccidia come *Toxoplasma e Cyclospora*)
causa CRIPTOSPORIDIOSI
Strettamente intracellulare
Fase sessuale e ciclo vitale nello stesso ospite



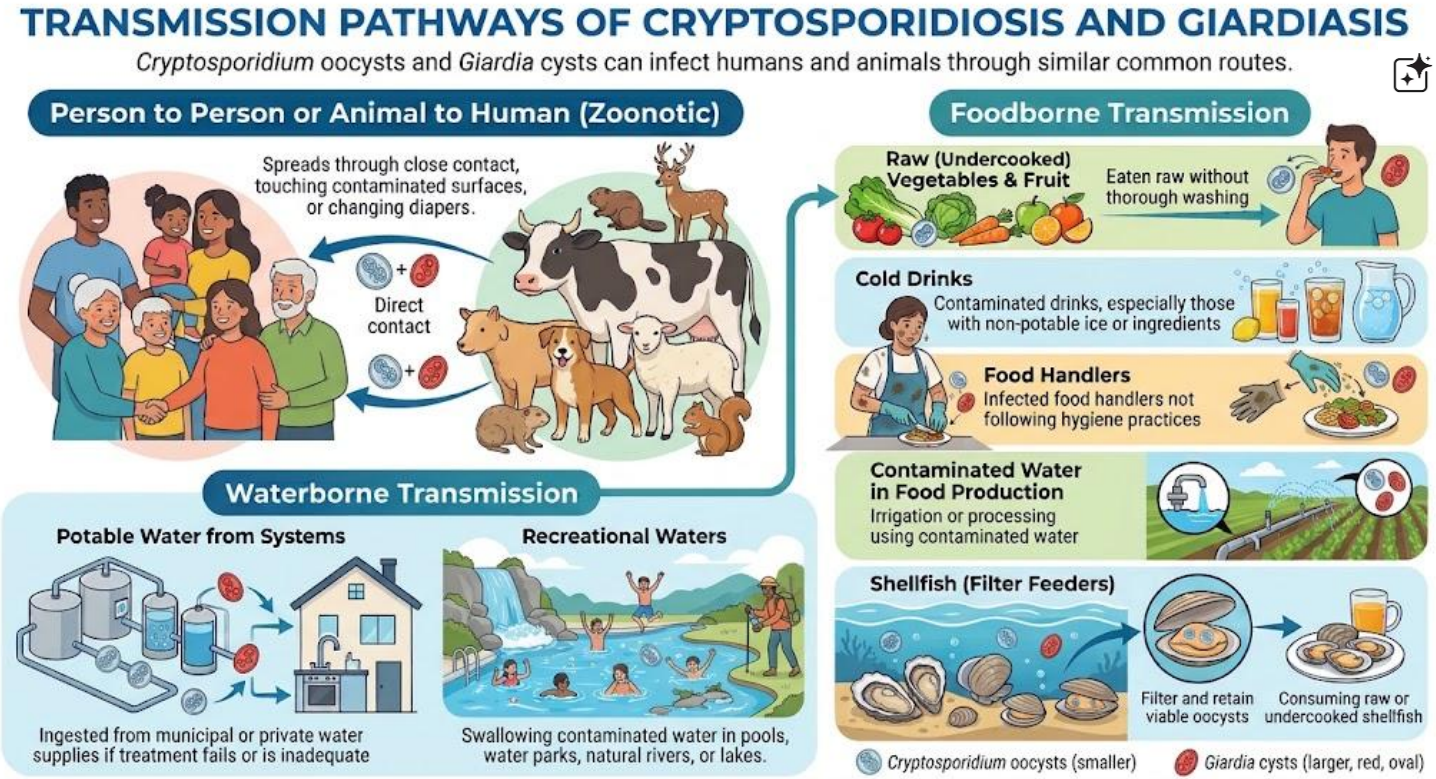
Credits: CDC





Credits: Widodo et al., 2025 (PMID: 41246399)

Cofinanziato dall'Unione europea



- Piccolo stadio di (oo)cisti resistenti all'ambiente
- Grandi serbati in animali e umani
- Monoxenoso e capace di infettare più specie
- Bassa dose infettiva
- (Oo)cisti immediatamente infettive all'escrezione
- Capacità di moltiplicarsi in numeri molto grandi in un singolo ospite

Cofinanziato dall'Unione europea

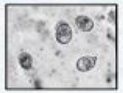
General considerations on the epidemiology of human infection



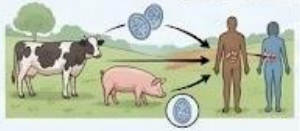
Cryptosporidium



- Most cases are sporadic
- Person-to-person transmission



- Zoonotic transmission



- Foodborne (10%) and waterborne transmission



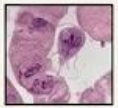




Giardia

- Most cases are waterborne
- Person-to-person transmission





- Zoonotic transmission



- Foodborne transmission (10%)





However, delayed appearance of symptoms after infection (5-10 days/1-2 weeks) makes difficult to identify the source of infection.



Cofinanziato
dall'Unione europea

Risk categories

Cryptosporidium

- Children, especially in developing countries
- Malnourished individuals
- Elderly
- Immunosuppressed individuals



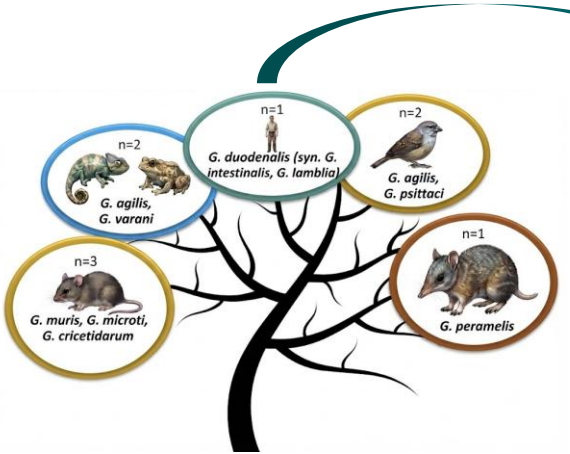
Giardia



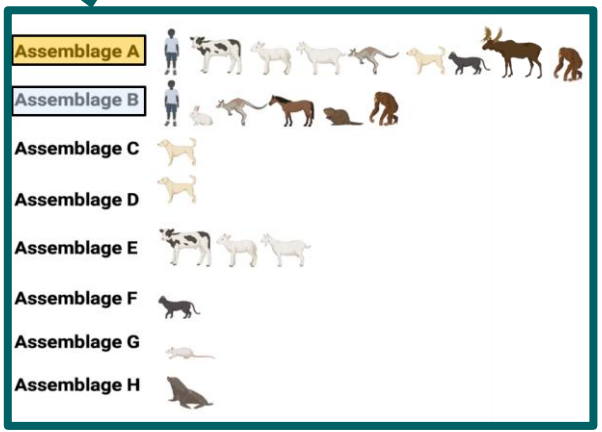
- Children, especially in developing countries
- Malnourished individuals
- Cystic fibrosis patient
- Elderly

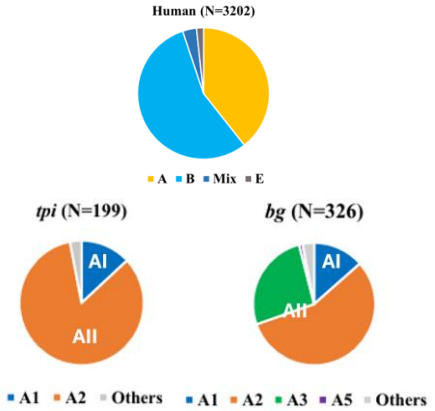
Cofinanziato dall'Unione europea

Tassonomia e epidemiologia della Giardia



Adapted from Ryan et al., 2021 Dec;51(13-14):1099-1119





Molecular species Determination

- ITS1-ITS2, and 5.8S rDNA
- 18S rDNA

Molecular *Assemblage Determination*

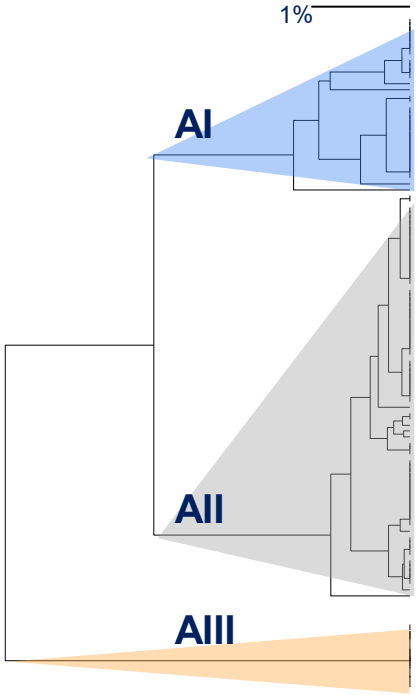
- 18S rDNA
- Beta-giardin
- Triose phosphate isomerase
- Glutamate dehydrogenase

} MLST

- L'infezione umana è causata quasi esclusivamente da Ass. A e B.
- La sovrarappresentazione dell'assemblaggio B nelle infezioni umane è stata segnalata dalla maggior parte degli studi, ma in Asia occidentale e Sud America Ass. A è più comunemente segnalata di Ass. B
- Negli esseri umani, il sub-assemblaggio AII (sottotipo A2) è più comune dell'AI.
- Negli animali, predomina l'IA in sub-assemblaggio (sottotipi A1 e A5).
- La prevalenza di specifici sottotipi di Ass. B (ad esempio BIII e BIV) è incerta. Tuttavia BIII >BIV negli esseri umani
- BIII comunemente associata all'uomo e alla BIV all'animale.

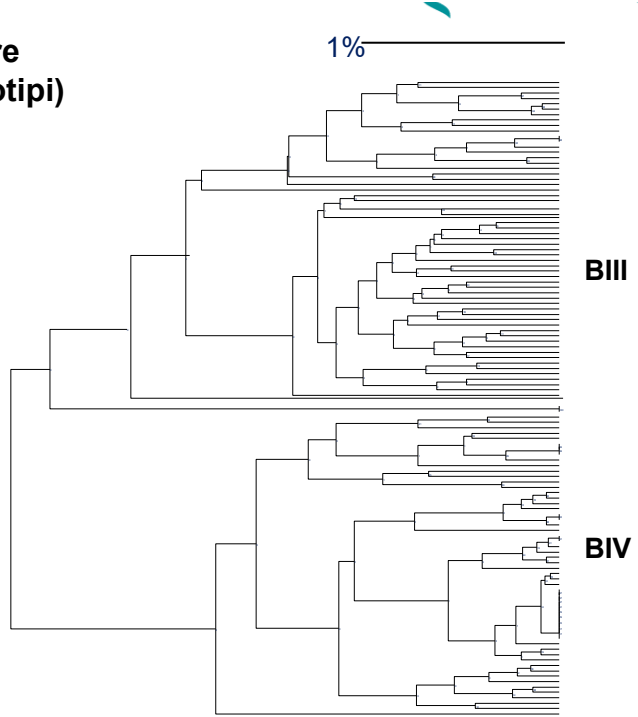
Cofinanziato dall'Unione europea

3 A sub-assemblages **6 sub-types (A1-A6)**



Sottotipizzazione molecolare (sotto-assemblaggio e sottotipi)
Beta-giardin
Isomerasi di triosa fosfato
Glutammato deidrogenasi

Un'estesa eterogeneità genetica si verifica nell'assemblaggio B (gdh)



- Adatto per distinguere gli Assemblaggi, ma variabilità genetica limitata, mancata risoluzione per scopi epidemiologici.
- Sono necessarie diverse strategie per la tipizzazione molecolare degli assemblaggi A e B per ottenere la stessa potenza di risoluzione e migliorare la risoluzione dei metodi di tipizzazione

Cofinanziato dall'Unione europea

Contents lists available at ScienceDirect
Infection, Genetics and Evolution
journal homepage: www.elsevier.com/locate/meegid

Research paper

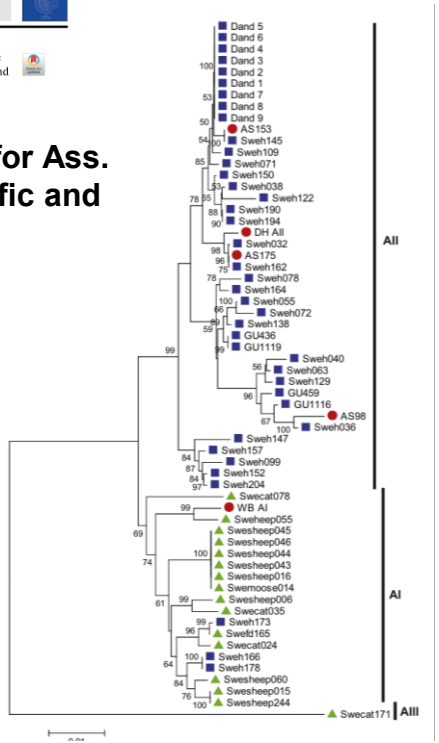
A novel high-resolution multilocus sequence typing of *Giardia intestinalis* Assemblage A isolates reveals zoonotic transmission, clonal outbreaks and recombination

Johan Ankarklev[b,c], Marianne Lebbad[b], Elin Einarsson[b], Oscar Franzén[c], Harri Ahola[d], Karin Troell[d], Staffan G. Svärd[b,c,*]

2018

+6 addittional marker for Ass. A MLST higly polymorfic and with low ASH

42 MLST types



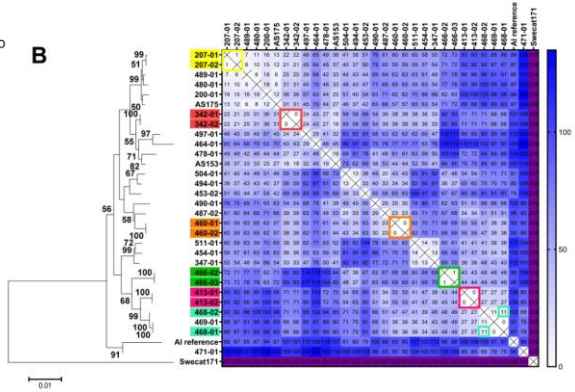
- Correlazione tra un caso umano e cervo
- Identificazione di profili MLST condivisi da umani e animali
- Correlazione epidemiologica tra singoli casi di un singolo focolaio

PLOS NEGLECTED TROPICAL DISEASES

RESEARCH ARTICLE

Suitability of current typing procedures to identify epidemiologically linked human *Giardia duodenalis* isolates

Andreas Woschke[1,2], Mirko Faber[2], Klaus Stark[3], Martha Holtfreter[4], Frank Mockenhaupt[5], Joachim Richter[6,7], Thomas Regnath[8], Ingo Sobottka[7], Ingrid Reiter-Owona[9], Andreas Diefenbach[3,4], Petra Gosten-Heinrich[1], Johannes Friesen[10], Ralf Ignatius[4,10], Toni Aebischer[1], Christian Klotz[2]*

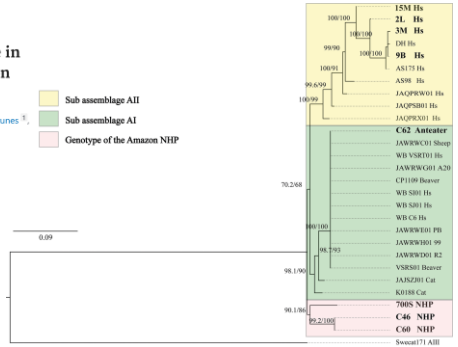


- Casi epidemiologicamente collegati di infezioni da assemblaggio A identificati

Mem Inst Oswaldo Cruz. 2026 Mar 20:121:e250234. doi: 10.1590/0074-02760250234. eCollection 2026.

Giardia duodenalis assemblage A: new genotype in non-human primates from the Brazilian Amazon region revealed by high-resolution MLST

Lisiane Lappe Dos Reis[1,2,3], Lirna Salvioni Silva de Souza[1], Maria Gabriela Rodrigues Antunes[1], Alessandra Ferreira Dales Nava[4], Ana Carolina Paulo Vicente[2]



- Cluster di Ass. A (IV) in scimmie

Cofinanziato dall'Unione europea

2026

PLOS Neglected Tropical Diseases

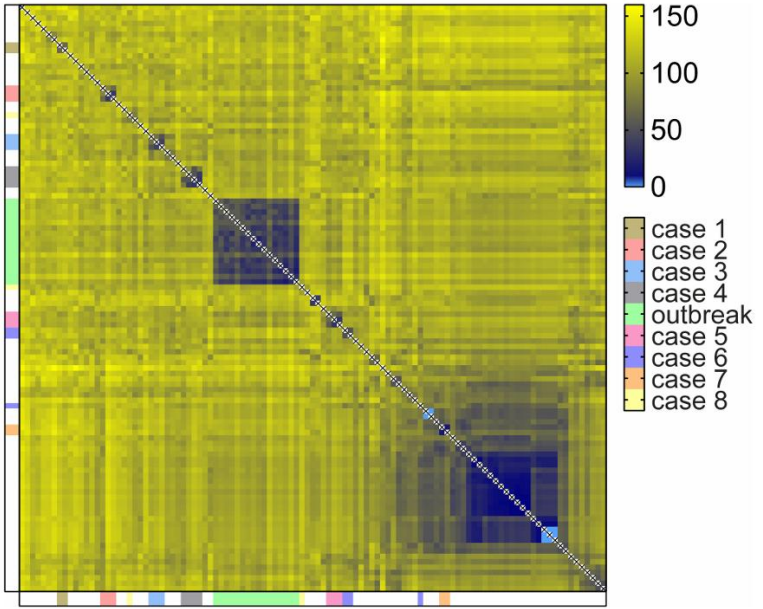
RESEARCH ARTICLE

High resolution multi-locus sequence typing scheme for *Giardia duodenalis* assemblage B outbreak and population analysis

Christian Klotz[1*], Katja Winter[2], Marc W. Schmid[3], Stephan Fuchs[2], Anna Rosa Sannella[4], Umer Chaudhry[5a], Jacinto Gomes[6,7], Ralf Ignatius[8,9], Toni Aebischer[1], Martha Betson[3], Karin Troell[10,11], Simone M. Cacciò[4]

- Lo schema considera anche sequenze alleliche eterogenee (ASH) per un adeguato raggruppamento
- Struttura di popolazione bipartita composta da organismi con basso ASH (sub-assemblaggi BIV) e organismi con ASH elevato (sub-assemblaggi BIII)
- I campioni provenienti da casi epidemiologicamente collegati formavano cluster separati, distinti da casi sporadici non correlati

+7 addittional marker for Ass. B

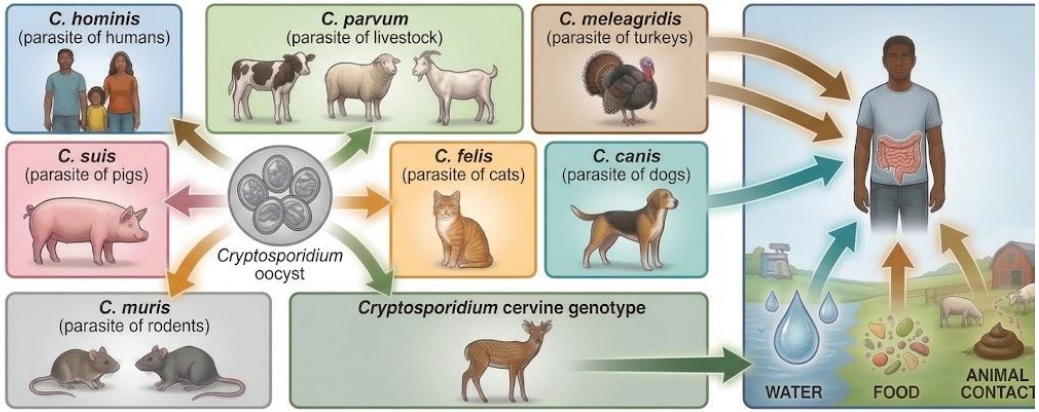


Gfli schemi di tipizzazione nei database di sequenza sono fortemente orientate verso sequenze che non contengono siti polimorfici, sebbene i parassiti dell'assemblaggio B clinicamente predominanti mostrino un'estesa ASH.

Le infezioni miste, riducono la riproducibilità della tipizzazione, che deve essere considerata nell'interpretazione dei risultati della tipizzazione. Il 25% nelle infezioni Ass. A e il 50% delle infezioni Ass. B sono miste. Le infezioni B sono miste.

Cofinanziato dall'Unione europea

Cryptosporidium species/genotypes that are currently recognised as human pathogens



Genus/species markers

- 18S rDNA
- COWP
- Actin
- Beta-tubulin
- HSP70

Marker for genotyping (whitin each species)

- GP60 (highly polymorphic gene for a glycoprotein)
- Mini-satellites (repetitive sequences)
- Micro-satellites (repetitive sequences)

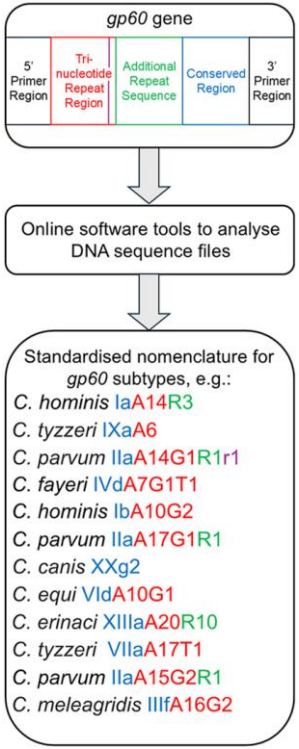
Cryptosporidium hominis: legata alla trasmissione interumana (ciclo antroponotico) o a contaminazioni dell'acqua tramite fognature umane. Prevale nei paesi in via di sviluppo e nei contesti urbani/asili.

Cryptosporidium parvum: specie zoonotica con un vasto ventaglio di ospiti (in particolare ruminanti, bovini e ovini giovani). Nei paesi industrializzati, *C. parvum e C. hominis* tendono ad essere presenti in proporzioni più equilibrate, ed è spesso collegata a contatti con animali in fattorie o a focolai ambientali.

Cofinanziato dall'Unione europea

Cryptosporidium genotyping by GP60

The serine microsatellite (TCA, TCG or TCT)

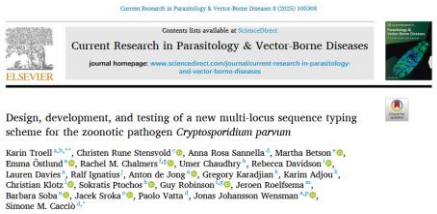


Species	*gp60* designation	Key references
C. hominis	I	Strong et al. (2000); Sulaiman et al. (2005)
C. parvum	II	Strong et al. (2000); Sulaiman et al. (2005)
C. meleagridis	III	Glaberman et al. (2001); Stensvold et al. (2014)
C. fayeri	IV	Power et al. (2009)
C. cuniculus	V	Chalmers et al. (2009)
C. equi	VI	Xiao et al. (2009)
C. wrairi	VII	Lv et al. (2009)
C. sciurinum	VIII	Lv et al. (2009)
C. tyzzeri	IX	Lv et al. (2009)
Mink genotype	X	Feng et al. (2011)
Opossum genotype I	XI	Feng et al. (2011)
C. ubiquitum	XII	Li et al. (2014)
C. erinacei	XIII	Laatamna et al. (2013)
C. mortiferum	XIV	Guo et al. (2015)
C. viatorum	XV	Stensvold et al. (2015)
Skunk genotype	XVI	Yan et al. (2017)
Apodemus genotype I	XVII	Čondlová et al. (2019)
Apodemus genotype II	XVIII	Čondlová et al. (2019)
C. felis	XIX	Rojas-Lopez et al. (2020); Jiang et al. (2020)
C. canis	XX	Jiang et al. (2021)
C. ryanae	XXI	Yang et al. (2020)
C. myocastoris	XXII	Ježková et al. (2021)
C. xiaoi	XXIII	Fan et al. (2021)
C. occultus	XXIV	Unpublished: PV067136-PV067140
C. suis	XXV	Lebbad et al. (2024)
C. bovis	XXVI	Wang et al. (2021)

Credits: Robinson et al., 2025 PMID: 40256454

Cofinanziato dall'Unione europea

Advanced type systems for *Cryptosporidium*


Current Research in Parasitology & Vector-Borne Diseases 8 (2025) 100306

Contents lists available at ScienceDirect

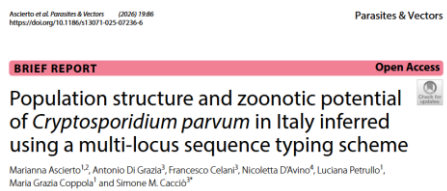
Current Research in Parasitology & Vector-Borne Diseases

journal homepage: www.sciencedirect.com/journal/current-research-in-parasitology-and-vector-borne-diseases

Design, development, and testing of a new multi-locus sequence typing scheme for the zoonotic pathogen *Cryptosporidium parvum*

Karin Troell, Christen Rune Stensvold, Anna Rosa Sannella, Martha Betson, Emma Östlund, Rachel M. Chalmers, Umer Chaudhry, Rebecca Davidson, Lauren Davies, Ralf Ignatius, Anton de Jong, Gregory Karadjian, Karim Adjou, Christian Klotz, Sokratis Pnochos, Guy Robinson, Jeroen Roelfsema, Barbara Soba, Jacek Sroka, Paolo Vatta, Jonas Johansson Wensman, Simone M. Cacciò

2025


Ascierto et al. Parasites & Vectors (2026) 19:86
https://doi.org/10.1186/s13071-025-07236-6

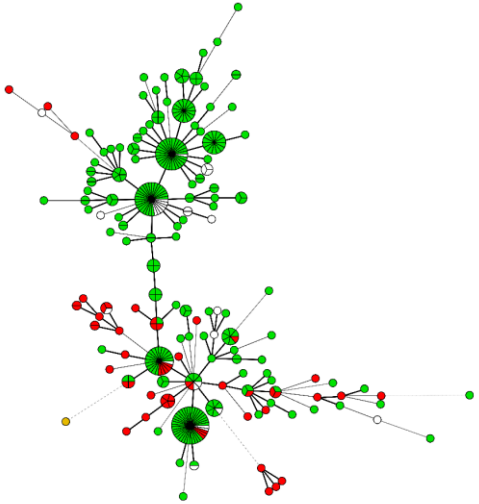
Parasites & Vectors

BRIEF REPORT Open Access

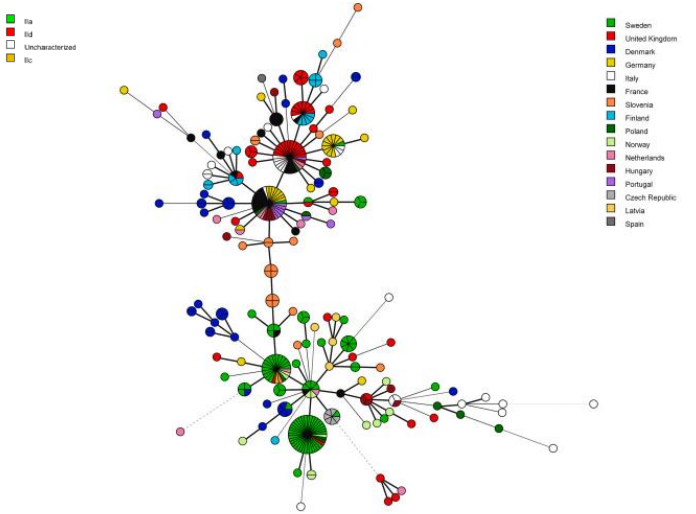
Population structure and zoonotic potential of *Cryptosporidium parvum* in Italy inferred using a multi-locus sequence typing scheme

Marianna Ascierto, Antonio Di Grazia, Francesco Celani, Nicoletta D'Avino, Luciana Petrullo, Maria Grazia Coppola and Simone M. Cacciò

2026



GP60 genotyping



MLST based on 8 genetically independent markers

Minimum Spanning Tree che mostra le relazioni tra diversi aplotipi di Cryptosporidium parvum in Europa, ottenuti tramite il sequenziamento di **8 marcatori indipendenti** rispetto alla genotipizzazione GP60

Cofinanziato dall'Unione europea

In Italia?

- Pochi studi sparsi, su piccoli cluster e spesso focalizzati sulla circolazione in ambito veterinario e suìicurezza alimentare e delle acque.
- n uno studio retrospettivo e osservazionale su pazienti con malattie gastrointestinali come *Giardia e Cryptosporium* sono stati rilevati rispettivamente nell'1% e nello 0,1%.
- La *Giardia* è uno dei parassiti più comunemente rilevati in Italia.
- La specie zoonotica *Cryptosporidium parvum* è il principale patogeno umano in Italia!
- *C. parvum* è una causa diffusa di malattie diarreiche nei giovani ruminanti in tutto il paese.
- È stata segnalata contaminazione dell'acqua con oocisti *di* *C. parvum* con 2 focolai documentati di trasmissione acquatica.
- La caratterizzazione genetica degli Assemblaggi di *Giardia* è quasi assente. Un grande focolaio di giardiasi associato all'acqua, collegato principalmente all'Assemblaggio B. È stata inoltre segnalata la circolazione degli Assemblaggi zoonotici A e B negli animali domestici in Italia.



Principali lacune

- ❑ Copertura geografica limitata
- ❑ Mancanza di identificazione molecolare a livello di specie/assemblaggio

Cofinanziato dall'Unione europea



È stato sviluppato un questionario su Office Forms per raccogliere informazioni su:

- ❑
- ❑ Tipo di organizzazione
- ❑ Tipo di attività (ad esempio ricerca, clinica)
- ❑ Numero di test per patogeni enterici
- ❑ Tipo di campioni testati
- ❑ Se vengono testati Cryptosporidium e Giardia
- ❑ Numero di test e positivi
- ❑ Tipo di metodo/i diagnostico

Il questionario è stato somministrato online da ottobre 2025 a febbraio 2026 a professionisti che operano nei campi della microbiologia umana, veterinaria e ambientale sul territorio italiano.



Cofinanziato dall'Unione europea

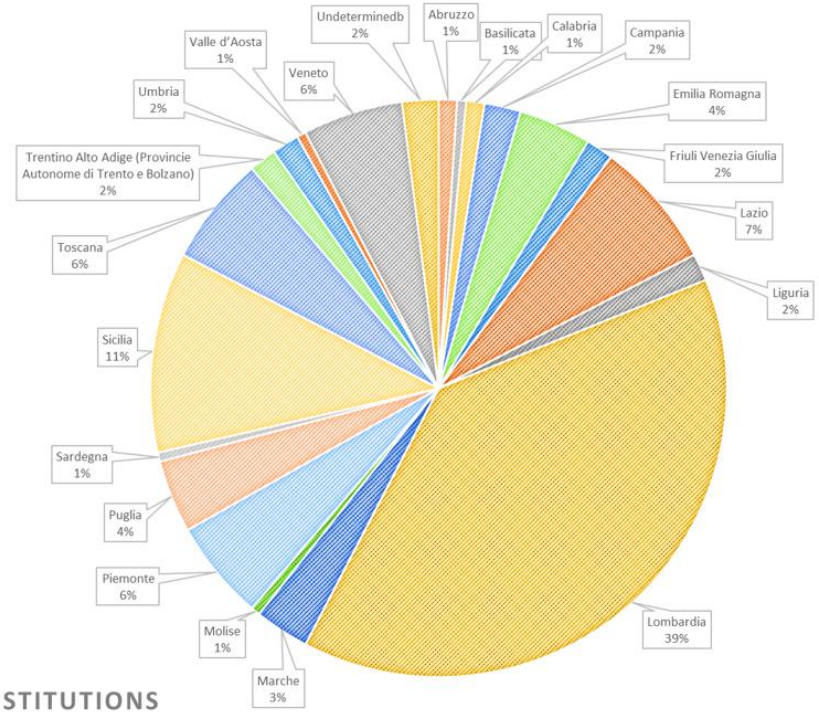
Abbiamo ricevuto in totale **196 risposte uniche**.

Le risposte sono state analizzate per esaminare i seguenti aspetti:

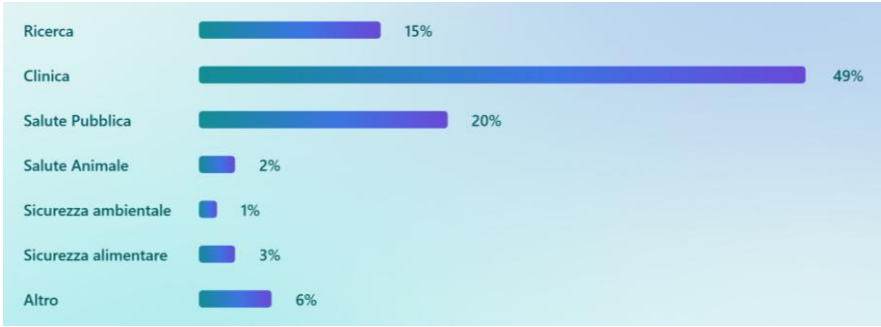
- ❑ Distribuzione geografica delle istituzioni rispondenti
- ❑ Tipo di istituzioni (ad esempio, ospedali, università, centri di ricerca)
- ❑ Il numero di campioni analizzati all'anno si riferiva o a tutti i patogeni gastrointestinali o specificamente a Cryptosporidium e Giardia
- ❑ Numero di campioni positivi all'anno, riferito sia a tutti i patogeni gastrointestinali sia specificamente a Cryptosporidium e Giardia
- ❑ Metodi diagnostici utilizzati
- ❑ Capacità di rilevare Cryptosporidium e Giardia a livello di specie/assemblaggio/genotipo

Cofinanziato dall'Unione europea

Distribuzione geografica ed istituzioni



N. OF INSTITUTIONS



Cofinanziato dall'Unione europea

Distribuzione geografica

Region	N. of Institutions	N. and type testing Cryptosporidium and Giardia[a]							N. and type testing only Giardia							N. and type non testing						
		U	H	C	RC	IZS	E	RH	U	H	C	RC	IZS	E	RH	U	H	C	RC	IZS	E	RH
Abruzzo	2	1																			1	
Basilicata	1		1																			
Calabria	2		1														1					
Campania	4	1	3																			
Emilia Romagna	8	2	5																		1	
Friuli Venezia Giulia	3		2	1																		
Lazio	14		3	3	3		1				2										1	1
Liguria	3		1		1											1						
Lombardia	76	1	31	5	4			3		12	4				1		5		3		2	5
Marche	6		3	1		1					1											
Molise	1					1																
Piemonte	11		5			1	1			1							1				3	
Puglia	8	2	2	2		1																
Sardegna	1					1																
Sicilia	22		16	1							1						3	1				
Toscana	12	2	8	1												1						
Trentino Alto Adige (Provincie Autonome di Trento e Bolzano)	3		2							1												
Umbria	3	1	1			1																
Valle d'Aosta	1		1																			
Veneto	11	1	7	1			1														1	
Undetermined[b]	4										2										2	
Total	196	11	93	15	8	6	3	3		14	10				1	2	11	1	3		11	5

16% do not test for C/G

a.H, Hospital, C, Clinical laboratory, E, Environmental laboratory, IZS, Istituto Zooprofilattico Sperimentale, RC, Research Center, RH, Rest Home, U, University
b.These Institution have multiple locations

Cofinanziato dall'Unione europea

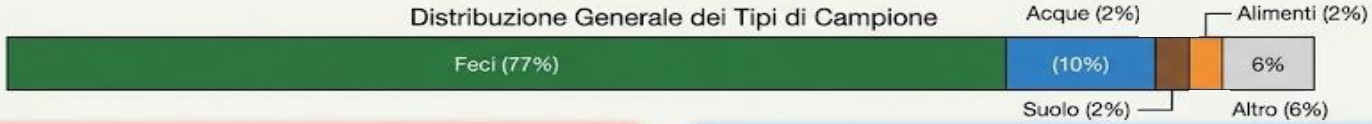
Numero di campioni analizzati e numero di positivi per tutti i patogeni gastrointestinali e per Cryptosporidium e Giardia

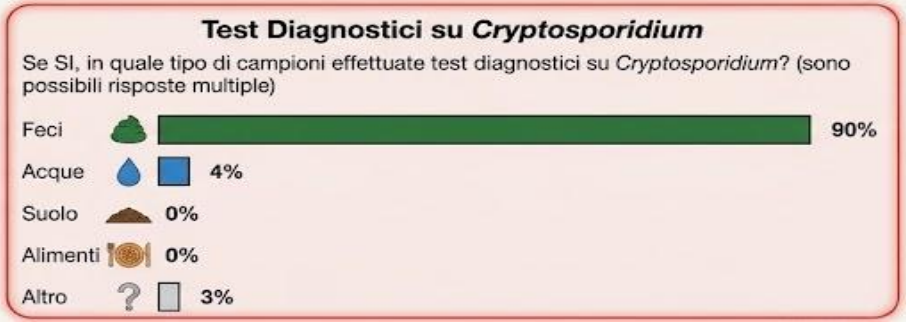
N. of samples/ year	N. and type of Institution[a]							N. of Cryptosporidium positive samples per year				N. of Giardia positive samples per year			
	H	CL	RSA	U	RC	IZS	E	0	1-10	10-50	>50	0	1-10	10-50	>50
1-100	3	1	3		1			6	2	0	0	5	3	0	0
100-500	16	3		7	1			13	11	1	0	5	18	3	1
500-1000	9	1		2	1	1	1	11	3	1	0	6	8	1	0
>1000	63	10		4	5	5	2	25	52	8	2	14	39		9
Total	91	15	3	13	8	6	3	55	68	10	2	30	68	4	10

H, Hospital, C, Clinical laboratory, E, Environmental laboratory, IZS, Istituto Zooprofilattico Sperimentale, RC, Research Center, RH, Rest Home, U, University

Cofinanziato dall'Unione europea

Su quale tipo di campioni effettuate i test diagnostici? (sono possibili risposte multiple)





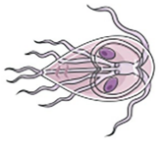


Total samples analysed for *Cryptosporidium*	33818,0
Total positive samples	881,0
Prevalence	**2,6**
Total samples analysed for *Giardia*	101768,0
Total positive samples	2707,0
Prevalence	**2,7**

Cryptosporidium

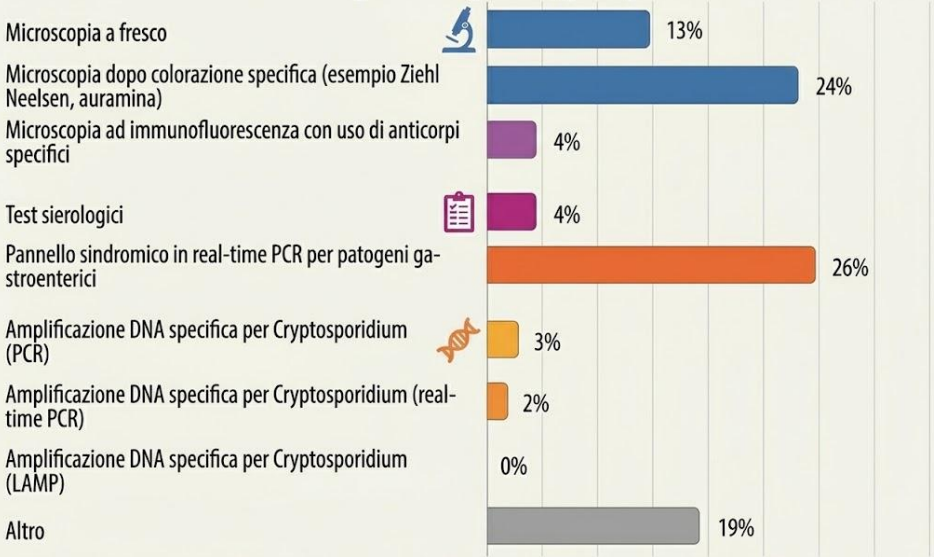


Giardia

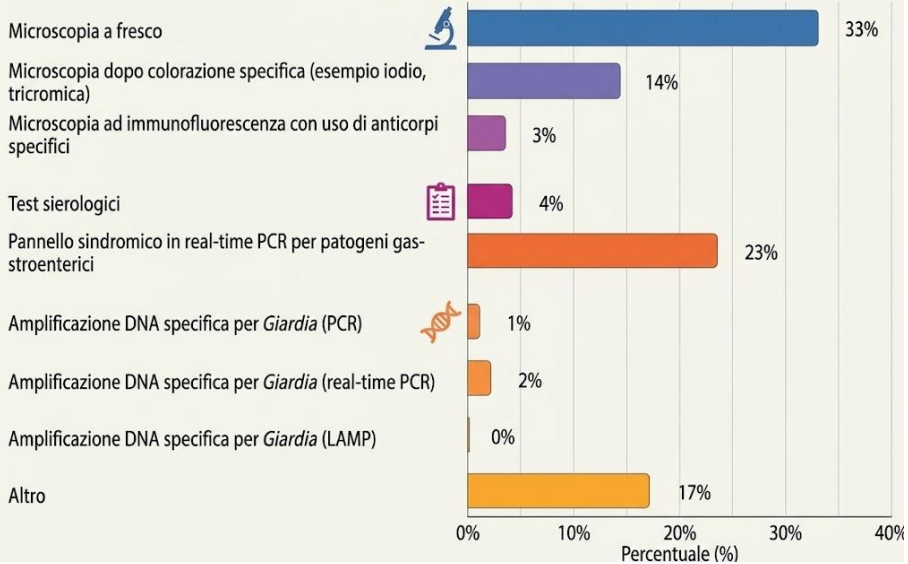


Cofinanziato dall'Unione europea

Metodi diagnostici per *Cryptosporidium*

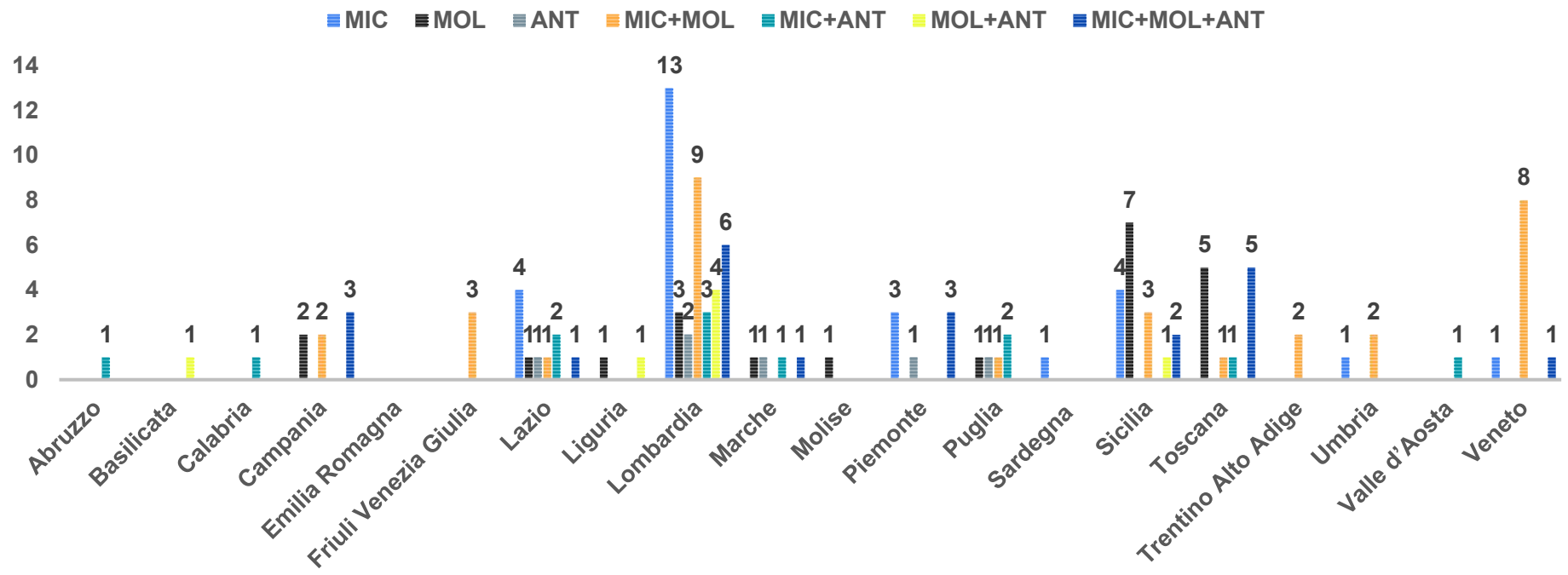


Metodi diagnostici per Giardia



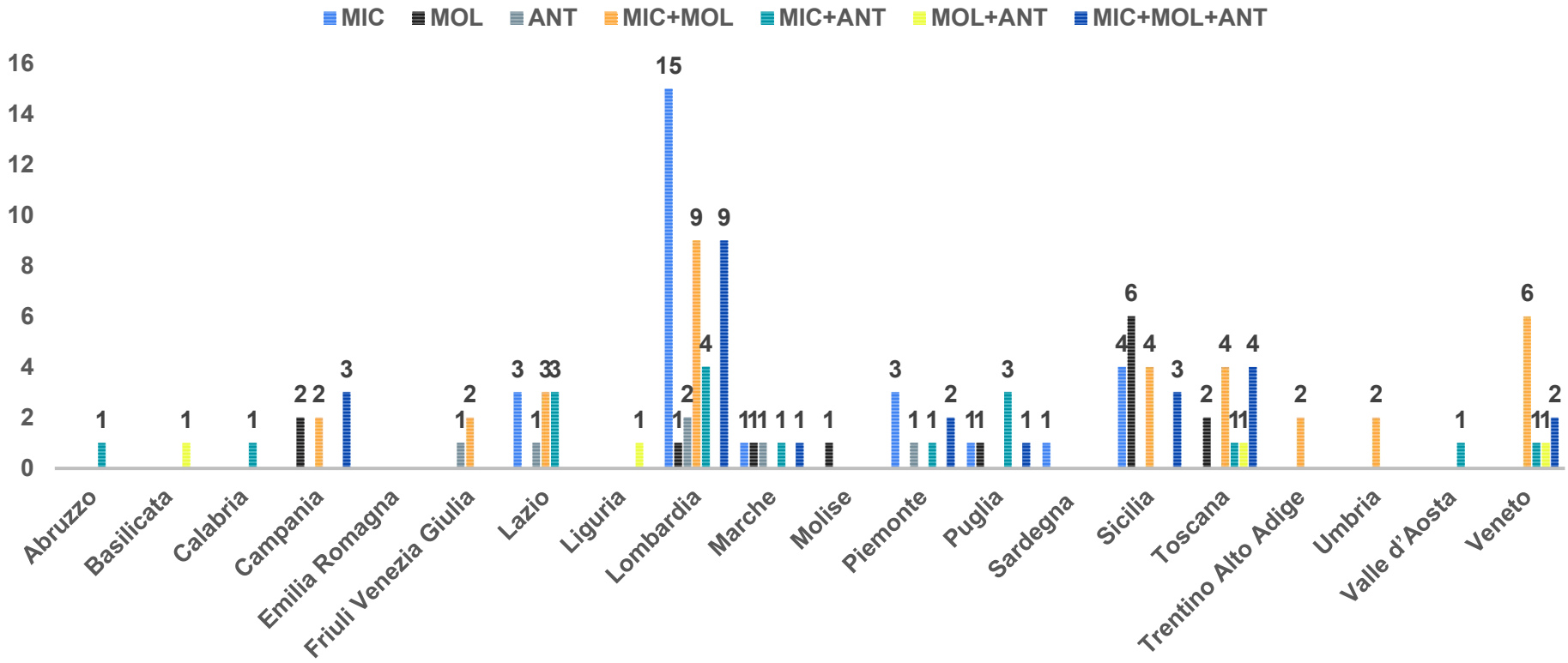
Cofinanziato dall'Unione europea

DETECTION METHODS FOR CRYPTOSPORIDIUM

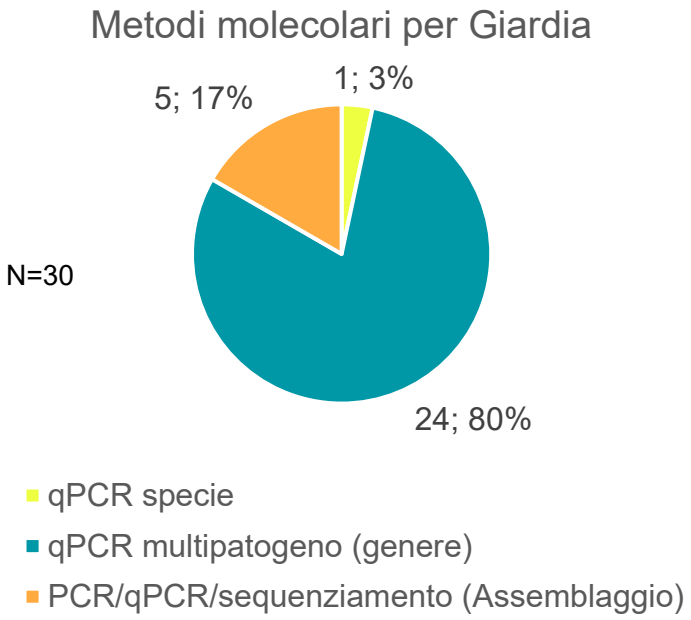


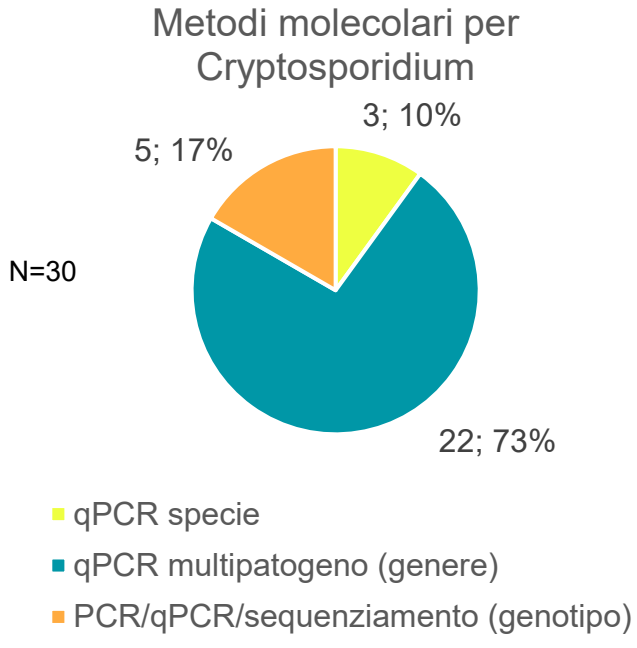
Cofinanziato
dall'Unione europea

DETECTION METHODS FOF GIARDIA



Cofinanziato
dall'Unione europea





Assemblaggio
- Nested multiplex PCR
- PCR and sequencing
- Nested PCR (Cacciò et al., 2002; Read et al., 2004)
- PCR and sequencing (TPI gene)
- PCR and sequencing (multilocus gdh, tpi, b-giardin)

Genotipo
- Nested PCR (Ryan et al., 2003)
- PCR-RFLP + gp60 sequencing
- Species-specific PCR and sequencing

Specie
- seminested PCR for C. parvum and sequencing
- PCR and sequencing
- Species-specific PCR C.parvum/C. hominis

Cofinanziato dall'Unione europea

Conclusioni del sondaggio

- Numerose strutture (circa 16%) non diagnosticano *Cryptosporidium o Giardia*, nonostante le malattie causate da questi parassiti siano ora incluse tra quelle che richiedono notifica obbligatoria.

- Un numero significativo di laboratori che diagnosticano *Cryptosporidium o Giardia* utilizza tecniche microscopiche o immunologiche, che non consentono l'identificazione dei parassiti a livello di specie o genotipo.

- Un numero crescente di laboratori utilizza metodi molecolari, ma questi sono spesso progettati per confermare la presenza del parassita e non per fornire informazioni sulla specie o sul genotipo presente.

- La sostanziale mancanza di informazioni sulle specie e i genotipi associati alle infezioni in esseri umani e animali, o che circolano nell'ambiente, fa sì che le vie di trasmissione di *Cryptosporidium e Giardia* in Italia restino poco comprese

Cofinanziato dall'Unione europea

Cosa fare quindi….

1: Creazione di una rete di laboratori di competenza regionali

Creare una rete con almeno un laboratorio per Regione in grado di fornire capacità di diagnosticare *Cryptosporidium e Giardia* fornendo informazioni riguardo specie e genotipi, fungendo da collettore per ospedali o centri diagnostici, e permetterebbe di processare in modo efficiente e tempestivo un maggior numero di campioni con il medesimo standard analitico.

2: Formazione

Fornire supporto per l'implementazione di metodi molecolari utili per la caratterizzazione delle specie e dei genotipi di Cryptosporidium, o dei gruppi genetici (assemblaggi) di Giardia (Amplificazione in vitro e successivo sequenziamento di specifici marcatori genetici) coprendo tutte le fasi del metodo, dalla estrazione del DNA dai campioni fecali, alla amplificazione e al sequenziamento dei marcatori genetici, fino alla analisi delle sequenze.

3: Test di competenza (Prove Valutative Interlaboratorio, PVI)

Verificare la corretta implementazione dei metodi molecolari nei laboratori di riferimento regionali che avranno effettuato la formazione attraverso un test di competenza, di Il test sarà organizzato dall'ISS. I partecipanti riceveranno un pannello di campioni che comprenderà feci contaminate con (oo)cisti di Cryptosporidium e Giardia e feci non contaminate, nonché DNA già estratti dai due parassiti.

4: Indagine pilota

Condurre un'indagine pilota sulle specie e sui genotipi di Cryptosporidium e Giardia che circolano nelle tre regioni partner del progetto (Lombardia, Toscana e Sicilia) Campioni fecali positivi per i due parassiti verranno attivamente raccolti da una rete di Ospedali in ciascuna regione, insieme a dati clinici in forma anonima. I campioni verranno inviati all'ISS per la caratterizzazione molecolare.

Cofinanziato dall'Unione europea

REGOLAMENTO DI ATTUAZIONE DELLA COMMISSIONE (UE) 2026/2097 del 18 settembre 2026 sulle malattie trasmissibili e le questioni sanitarie speciali correlate soggette a sorveglianza epidemiologica e alle relative definizioni di casi, e abrogazione della Decisione di Attuazione (UE) 2018/945

Secondo i criteri per la selezione delle malattie trasmissibili e le questioni sanitarie speciali correlate per la sorveglianza epidemiologica come previsto dalla Sezione 1 dell'Allegato I del Regolamento (UE) 2022/2371, le seguenti malattie non dovrebbero più essere soggette a sorveglianza epidemiologica a livello dell'Unione:

— La criptosporidiosi è un'infezione gastrointestinale comune ma prevalentemente lieve che può causare focolai locali trasmessi dall'acqua, ma non ha una dimensione di salute pubblica transfrontaliera che giustifichi una sorveglianza continua a livello dell'Unione
— Come la criptosporidiosi, la giardiasi tende a causare focolai locali di diarrea autolimitata

Mentre l'atto in sé è un regolamento della Commissione Europea volto alla sorveglianza epidemiologica (attività storicamente coordinata dall'**ECDC** - Centro europeo per la prevenzione e il controllo delle malattie), l'**EFSA** (Autorità europea per la sicurezza alimentare) gioca un ruolo chiave poiché la Giardiasi e la Criptosporidiosi sono classificate tra le principali zoonosi a trasmissione alimentare e idrica.

Cofinanziato dall'Unione europea

Grazie

marco.lalle@iss.it

Cofinanziato dall'Unione europea

Co-finanziato dall'Unione Europea. Le opinioni espresse sono tuttavia solo quelle dell'autore/degli autori e non riflettono necessariamente quelle dell'Unione Europea o di HADEA. Né l'Unione Europea né l'autorità concedente possono esserne ritenute responsabili.