

One-Health e Intelligenza Artificiale per la sicurezza sanitaria

Francesco Gagliardi, Ph.D.

In questo contributo si vuole introdurre, da una parte, una visione sistemica che coinvolga alcuni concetti pertinenti la sicurezza sanitaria come gli emerging disease, la scoperta di sindromi e la biologia molecolare, e dall'altra, si vuole illustrare una proposta d'integrazione di alcune soluzioni e sistemi proposti negli ambiti dell'Intelligenza Artificiale e della bio-informatica. Il fine è quello di ottenere una maggiore capacità nei processi decisionali di sicurezza sanitaria negli scenari pandemici e non solo.

Nella prima parte di questo lavoro si illustra come, a partire da alcuni lavori degli anni '90 del secolo scorso, in cui si analizzavano le minacce biologiche degli emerging infectious disease, si sia giunti in tempi più recenti alla visione sistemica della One-Health, della quale si propone, in parte, una estensione che coinvolge anche la logica della scoperta scientifica nell'ambito bio-medico. Nella seconda parte si sviluppa, a partire dalle analisi precedenti, una prospettiva di integrazione di alcune tipologie di sistemi proposti nell'Intelligenza Artificiale in ambito medico, come i sistemi di supporto alla decisione diagnostica e i sistemi di scoperta sindromica, con quelli della bioinformatica e del sequencing bio-molecolare. L'integrazione di tali sistemi può consentire una riduzione della frammentazione e delle incertezze nei processi decisionali d'identificazione delle minacce e incrementare le capacità decisionali nell'ambito della sicurezza sanitaria.

Dalla minaccia degli emerging disease al concetto di One-Health e oltre

La scoperta di una nuova malattia o dei cosiddetti *emerging disease* è divenuta una tematica di interesse, anche al di fuori dell'ambito medico ed epistemologico, a partire almeno dagli anni '90 dello scorso secolo¹. Sono diversi i casi per i quali l'esistenza di una nuova entità diagnostica può essere posta, potendosi ricondurre sia a una sorta di

¹ Mirko D. Grmek, "The concept of emerging disease (Article in French)," *History and Philosophy of the Life Sciences* 15, no. 3 (1993):281–296. PMID:7824686

“mancanza concettuale” all’interno della pregressa conoscenza clinica, come è avvenuto per alcuni casi storici ben noti (come, ad esempio, nel caso della scoperta della sindrome di Down²), sia può essere ricondotta ad una reale “novità” biologica dovuta ad esempio all’emergere di un nuovo agente patogeno. Appartengono a quest’ultimo caso le scoperte di nuove malattie definite come *emerging* o *mutating disease*³ che sono causati da un nuovo o mutato agente patogeno non esistente prima in natura. In entrambi i casi risulta fondamentale la preliminare individuazione e riconoscimento di una nuova sindrome, cioè l’insieme dei segni e sintomi clinici con cui si manifesta la malattia⁴, per una successiva definizione come nuova entità nosologica da inserire nelle preesistenti tassonomie cliniche.

Uno dei primi più noti esempi della pericolosità degli *emerging disease* si è avuta nei primi anni di questo secolo con l’epidemia del 2003 della *Severe Acute Respiratory Syndrome* (SARS)⁵. La SARS è stato il primo caso di rilevanza globale di scoperta di una nuova sindrome di cui si è poi identificato un coronavirus come agente patogeno responsabile della sua insorgenza⁶.

L’epidemia di SARS pose in luce la pericolosità globale dei coronavirus come causa di possibili *infectious emerging disease*. Queste nuove forme di epidemie spinsero alcuni ricercatori a proporre lo sviluppo di sistemi nazionali di *syndromic surveillance*⁷ anche

² David Wright, *Downs. The history of a disability* (Oxford: Oxford University Press, 2011).

³ Louise Cummings, “Emerging Infectious Diseases: Coping with Uncertainty,” *Argumentation* 23, no.2 (2009):171–188. DOI:10.1007/s10503-008-9116-9. Stephen S. Morse, “The vigilance defense,” *Scientific American* 287, (2002):88–89. Stephen S. Morse, Barbara H. Rosenberg, Jack Woodall, “Global monitoring of emerging disease: design for a demonstration program,” *Health Policy* 38, (1996):135–153. DOI:10.1016/0168-8510(96)00863-9

⁴ Paula A. Ford-Martin, “Key terms. Syndrome,” in *Gale Encyclopedia of Medicine, 2nd edn.*, eds. Jacqueline L. Longe, Deirdre S. Blanchfield, (Farmington Hills, MI: Gale Group Press, 2002), 1496.

⁵ World Health Organization, “Dr. Carlo Urbani of the World Health Organization dies of SARS,” World Health Organization Media Centre, (2003) accessed 20.5.2021 <http://www.who.int/mediacentre/news/notes/2003/np6/en/>

⁶ Ron A. M. Fouchier, Thijs Kuiken, Martin Schutten, Geert van Amerongen, Gerard J. J. van Doornum, Bernadette G. van den Hoogen, Malik Peiris, Wilina Lim, Klaus Stöhr, Albert D. Osterhaus, “Aetiology: Koch’s postulates fulfilled for SARS virus,” *Nature* 423, no. 240 (2003). DOI:10.1038/423240a

⁷ Kenneth D. Mandl, Marc Overhage, Michael M. Wagner, William B. Lober, Paola Sebastiani, Farzad Mostashari, Julie A. Pavlin, Per H. Gesteland, Tracee Treadwell, Eileen Koski, Lori Hutwagner, David L.

in funzione di prevenzione di un altro tipo di possibile minaccia come quella bio-terroristica⁸.

Molti di questi approcci mancavano di una visione sistemica del problema, considerandolo principalmente se non esclusivamente dal punto di vista clinico-epidemiologico incentrato appunto sull'identificazione e sorveglianza delle sindromi, da una parte, e sulla prevenzione e contenimento di attacchi bio-terroristici, dall'altra.

In tempi più recenti si è giunti all'introduzione del concetto della *One-Health*, definito dall'Organizzazione Mondiale della Sanità nel seguente modo:

'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 areas of work in which a One Health approach is particularly relevant include food safety, the control of zoonoses (diseases that can spread between animals and humans, such as flu, rabies and Rift Valley Fever)⁹.

Il concetto della *One-Health* estende, dunque, i confini della sicurezza sanitaria e biologica oltre le usuali prassi clinico-sanitarie della medicina inglobando la veterinaria così come competenze e punti di vista di altre discipline:

Buckeridge, Raymond D. Aller, Shaun Grannis, "Implementing syndromic surveillance: a practical guide informed by the early experience," *Journal of the American Medical Informatics Association* 11, no. 2 (2004):141–150. DOI:10.1197/jamia.M1356. Ling Wang, Marco F. Ramoni, Kenneth D. Mandl, Paola Sebastiani, "Factors affecting automated syndromic surveillance," *Artificial Intelligence in Medicine* 34, no. 3 (2005):269–278. DOI:10.1016/j.artmed.2004.11.002. Jyh-Win Huang, Ting-Wei Hou, "Design and prototype of a mechanism for active on-line emerging/notifiable infectious diseases control, tracking and surveillance, based on a national health-care card system," *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 86, no. 2 (2007):161–170. DOI:10.1016/j.cmpb.2007.02.005.

⁸ Manfred S. Green, James LeDuc, Daniel Cohen, David R. Franz, "Confronting the threat of bioterrorism: realities, challenges, and defensive strategies," *The Lancet. Infectious Diseases* 19, no.1 (2019):e2–e13. DOI:10.1016/S1473-3099(18)30298-6.

⁹ World Health Organization, "What is One Health?" (2017) accessed 20.5.2021 <https://www.who.int/news-room/q-a-detail/one-health>

As a global good, health security must be understood on a global scale and from a global and crosscutting perspective, integrating human health, animal health, plant health, ecosystems health, and biodiversity¹⁰.

Questo punto di vista mira a integrare approcci provenienti da diversi ambiti disciplinari al problema della sicurezza sanitaria in un approccio sistemico e multidisciplinare:

The success of this One-Health concept now requires breaking down the interdisciplinary barriers that still separate human and veterinary medicine from ecological, evolutionary, and environmental sciences. The development of integrative approaches should be promoted by linking the study of factors underlying stress responses to their consequences on ecosystem functioning and evolution¹¹.

Dunque, il concetto della *One-Health*, col suo approccio integrato nello studio sistemico degli *emerging diseases*, non è privo di rilevanza strategica per le sue applicazioni nella individuazione e gestione delle pandemie e nel *management* della sicurezza sanitaria che supera di fatto l'approccio tradizionale di *crisis response*:

Epidemics must evolve from crisis response during discrete outbreaks to an integrated cycle of preparation, response and recovery. [...] Many disciplines need to be integrated, including not only epidemiology but also social sciences, research and development, diplomacy, logistics and crisis management. This requires a new approach to training tomorrow's leaders in epidemic prevention and response¹².

¹⁰ Delphine Destoumieux-Garzón, Patrick Mavingui, Gilles Boetsch, Jérôme Boissier, Frédéric Darriet, Priscilla Duboz, Clémentine Fritsch, Patrick Giraudoux, Frédérique Le Roux, Serge Morand, Christine Paillard, Dominique Pontier, Cédric Sueur, Yann Voituren, "The One Health Concept: 10 Years Old and a Long Road Ahead," *Frontiers in Veterinary Science* 5, no. 14 (2018):1-14. DOI:10.3389/fvets.2018.00014.

¹¹ Delphine Destoumieux-Garzón, *et al.*, "The One Health Concept: 10 Years Old and a Long Road Ahead".

¹² Juliet Bedford, Jeremy Farrar, Chikwe Ihekweazu, Gagandeep Kang, Marion Koopmans, John Nkengasong, "A new twenty-first century science for effective epidemic response," *Nature* 575, no. 7781 (2019):130–136. DOI:10.1038/s41586-019-1717-y.

Quello che manca alla visione sistemica della *One-Health* è una sua possibile estensione concettuale che coinvolga anche l'epistemologia e la logica della scoperta scientifica per gli aspetti metodologici, ed una maggiore integrazione con gli strumenti decisionali e tecnologici provenienti dall'Intelligenza artificiale e dalle tecniche di sequenziamento genomico.

Infatti, la sicurezza sanitaria relativa agli *emerging disease* è fortemente caratterizzata dal fatto che la minaccia è sconosciuta *a priori*, quindi tanto il suo riconoscimento ed individuazione quanto le possibili misure di contenimento e contrasto coinvolgono processi di scoperta scientifica in ambito medico e bio-molecolare. Si pensi al recente caso della pandemia COVID-19 (*COronaVirus Disease-2019*) in cui l'identificazione dell'agente patogeno responsabile della nuova sindrome è stata talmente rapida¹³ che si è adottato come criterio definitorio della malattia il criterio biologico d'individuazione del coronavirus patogeno *SARS-CoV-2*¹⁴ nel singolo individuo. Si noti, per confronto, che la SARS è stata definita preliminarmente con un criterio sindromico da cui ha anche tratto il nome la malattia (*Severe Acute Respiratory Syndrome*) che non fa alcun riferimento al coronavirus che è stato poi individuato come l'effettivo agente patogeno responsabile dell'insorgere della malattia.

Questo pone in evidenza come le nuove biotecnologie di genomica clinica e sequenziamento genetico¹⁵ ridefiniscano la stessa logica della scoperta scientifica in ambito medico e come questi aspetti metodologici ed epistemologici della logica della

¹³ Peng Zhou, Xing-Lou Yang, Xian-Guang Wang, Ben Hu, Lei Zhang, Wei Zhang, Hao-Rui Si, Yan Zhu, Bei Li, Chao-Lin Huang, Hui-Dong Chen, Jing Chen, Yun Luo, Hua Guo, Ren-Di Jiang, Mei-Qin Liu, Ying Chen, Xu-Rui Shen, Xi Wang, Xiao-Shuang Zheng, Kai Zhao, Quan-Jiao Chen, Fei Deng, Lin-Lin Liu, Bing Yan, Fa-Xian Zhan, Yan-Yi Wang, Geng-Fu Xiao, Zheng-Li Shi, "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin," *Nature* 579, no. 7798 (2020):270–273. DOI:10.1038/s41586-020-2012-7.

¹⁴ Alexander E. Gorbalenya, Susan C. Baker, Ralph S. Baric, Raoul J. de Groot, Christian Drosten, Anastasia A. Gulyaeva, Bart L. Haagmans, Chris Lauber, Andrey M. Leontovich, Benjamin W. Neuman, Dmitry Penzar, Stanley Perlman, Leo L.M. Poon, Dmitry V. Samborskiy, Igor A. Sidorov, Isabel Sola, John Ziebuhr, "The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2," *Nature Microbiology* 5, no. 4 (2020): 536–544. DOI:10.1038/s41564-020-0695-z.

¹⁵ Charles Y. Chiu, Steven A. Miller, "Clinical metagenomics," *Nature Review Genetics* 20, no. 6 (2019):341–355. DOI:10.1038/s41576-019-0113-7.

scoperta bio-medica, che appartengono alla filosofia della scienza, e quelli propriamente tecnologici debbano essere tenuti in debita considerazione se si vuole adottare una prospettiva pienamente sistemica sul problema degli *emerging disease* e della sicurezza sanitaria.

L'Intelligenza Artificiale in medicina e i DSS (Decision Support Systems)

La medicina è sempre stata uno dei settori applicativi di maggior interesse dell'Intelligenza Artificiale¹⁶ (AI) sin dai primi sistemi esperti realizzati, tra cui spicca il noto *MYCIN*¹⁷ la cui realizzazione era finalizzata alla diagnosi delle infezioni del sangue, fino alle recenti applicazioni del *machine learning* ai *big data* in ambito biomolecolare e clinico. Le applicazioni dell'Intelligenza Artificiale in medicina, che spesso sono riassunte nell'acronimo *AIM (Artificial Intelligence in Medicine)*, sono molteplici; nel seguito si considereranno principalmente i sistemi di supporto alla decisione clinica e le loro possibili applicazioni non solo come sistemi diagnostici ma anche come sistemi di supporto alla scoperta di nuove sindromi e di epidemiologia di precisione.

I sistemi di supporto alla decisione clinica (*CDSS – Clinical Decision Support System*)¹⁸ sono dei particolari sistemi di AI, basati spesso su tecniche di *machine learning*, che consentono a questi sistemi, se opportunamente “addestrati” su *database* di casi clinici, di essere usati per proporre possibili decisioni in ambito clinico.

Il *machine learning*¹⁹ è il settore dell'AI riguardante i sistemi che possono apprendere dall'esperienza; due delle principali metodologie usate nell'ambito del *machine*

¹⁶ Stuart J. Russell, Peter Norvig, *Artificial Intelligence. A Modern Approach*, 4th edn (London: Pearson, 2020).

¹⁷ Edward H. Shortliffe, *Computer-Based Medical Consultations: MYCIN* (Amsterdam: Elsevier, 1976). Il nome MYCIN fu scelto dall'autore per assonanza con molti antibiotici che terminano in “-mycin” come ad esempio erythromycin, azithromycin e altri.

¹⁸ Enrico Coiera, *Guide to health informatics*, 3rd edn (London: CRC Press, 2015). DOI:10.1201/b13617.

¹⁹ Ian H. Witten, Eibe Frank, Mark A. Hall, Christopher J. Pal, *Data Mining, Practical Machine Learning Tools and Techniques*, 4th edn (San Francisco: Morgan Kaufmann, 2016). Donald Michie, David J. Spiegelhalter, Charles C. Taylor, *Machine Learning, Neural and Statistical Classification* (Hoboken, NJ: Prentice Hall, Ellis Horwood Series in Artificial Intelligence, 1994). Richard O. Duda, Peter E. Hart, David G. Stork, *Pattern Classification*, 2nd edn (New York: John Wiley & Sons, 2000).

learning sono il *supervised learning* e l'*unsupervised learning*. Nell'apprendimento *supervised* il sistema di AI viene fornito di un *database* clinico che contiene, grazie alla precedente conoscenza di uno o più esperti umani, delle informazioni diagnostiche o prognostiche per ogni istanza dei dati osservati. Il sistema utilizza tali dati per inferire della conoscenza, in forma più o meno esplicita, che viene poi impiegata per predire il valore corretto (e.g. la categoria diagnostica) su nuove osservazioni cliniche. Nell'apprendimento *unsupervised* l'esperienza fornita al sistema di AI è costituita dai soli casi clinici osservati, detti anche *unlabelled data*. Il sistema in tal caso può apprendere le categorie che sono presenti nel *database* o altre informazioni sulla struttura dei dati in modo autonomo, utilizzando, ad esempio, un criterio di similarità o analogia tra le varie osservazioni considerate. In questo caso rientra il problema della *cluster analysis*, detta anche classificazione *unsupervised* che riguarda appunto il problema del raggruppamento naturale delle osservazioni, detti anche *patterns* o *feature vectors*, in gruppi, detti *clusters* o classi *unlabelled*²⁰.

La metodologia *supervised* è pertinente al settore del *machine learning* con, forse, il maggiore numero di applicazioni e nell'ambito medico è ampiamente utilizzata per la realizzazione dei sistemi di supporto alla diagnosi (*CAD – Computer Aided Diagnosis*). Le applicazioni *unsupervised* possono essere usate per realizzare dei sistemi di supporto alla scoperta di sindromi²¹ ed anche potenzialmente per sistemi di sorveglianza

²⁰ Richard O. Duda, Peter E. Hart, David G. Stork, *Pattern Classification, 2nd edn*, chap. 10. Anil K. Jain, "Data clustering: 50 years beyond K-means," *Pattern Recognition Letters* 31, no. 8 (2010):651–666. DOI:10.1016/j.patrec.2009.09.011. Anil K. Jain, Musti N. Murty, Patrick J. Flynn, "Data clustering: a review," *ACM Computing Surveys* 31, no. 3 (1999):264–323. DOI:10.1145/331499.331504.

²¹ Francesco Gagliardi, "Algoritmi Genetici per il Data Clustering in Semeiotica Dermatologica" (Tesi di Laurea, Dipartimento di Scienze Fisiche, Università degli Studi di Napoli *Federico II*, 2002). Francesco Gagliardi, "A Cognitive Approach to Scientific Data Mining for Syndrome Discovery: a Case-study in Dermatology," *International Journal of Software Science and Computational Intelligence* 4, no. 1 (2012):1–33. DOI:10.4018/jssci.2012010101.

sindromica²², potendo individuare in modo autonomo la presenza di *cluster* di casi clinici simili tra loro in un *database* clinico²³.

Sono stati anche proposti dei sistemi di diagnosi automatica che integrano al loro interno degli algoritmi di *cluster analysis*²⁴; sistemi di questo tipo si possono considerare da una parte *supervised* perché diagnosticano rispetto a categorie note *a priori*; ma d'altra parte sono *unsupervised* poiché nell'ambito delle categorie diagnostiche considerate possono individuare e scoprire autonomamente le specifiche sindromi con cui si manifestano le malattie, anche se queste sindromi non sono già note o sono delle varianti di quadri sindromici tipici.

Ad esempio, si può considerare un sistema di questo tipo opportunamente “addestrato” su un *database* clinico per la diagnosi differenziale tra più patologie polmonari già note come la fibrosi polmonare, lo pneumotorace, la polmonite, o altre (quindi in modo *supervised*); tale sistema può individuare in modo autonomo le correlazioni tra caratteristiche cliniche diverse con cui si possono manifestare le varie patologie considerate, individuandone cioè le rispettive sindromi, incluso eventualmente anche di nuove. Questa caratteristica è essenziale per poter realizzare un sistema di supporto alla decisione clinica che integri capacità di *syndrome discovery* che risultino utili per allertare della presenza di una nuova potenziale minaccia, come un *mutating disease*.

Contestualmente all'individuazione di una nuova sindrome la stessa capacità *unsupervised* di individuare diversi nuovi *cluster* può risultare utile per individuare le

²² Ling Wang, Marco F. Ramoni, Kenneth D. Mandl, Paola Sebastiani, “Factors affecting automated syndromic surveillance”.

²³ Brian S. Everitt, A.J. Gourlay, R.E. Kendell, “An attempt at validation of traditional psychiatric syndromes by cluster analysis,” *British Journal of Psychiatry* 119, no. 551 (1971):399–412. DOI:10.1192/bjp.119.551.399. David J. Hand, Heikki Mannila, Padhraic Smyth, *Principles of Data Mining* (Cambridge: MIT Press, 2001), 12.

²⁴ Francesco Gagliardi, “Sistemi classificatori basati su istanze: modelli cognitivi della categorizzazione e teorie della diagnosi” (PhD diss., Dipartimento di Matematica e Applicazioni R. Caccioppoli, Università degli Studi di Napoli *Federico II*, 2008). DOI:10.6092/UNINA/FEDOA/1996. Francesco Gagliardi, “Instance-based classifiers applied to medical databases: diagnosis and knowledge extraction,” *Artificial Intelligence in Medicine* 52, no. 3 (2011):123–139. DOI:10.1016/j.artmed.2011.04.002. Luciano Nieddu, Giacomo Patrizi, “Formal methods in pattern recognition: A review,” *European Journal of Operational Research* 120, no.3 (2000):459–495. DOI:10.1016/S0377-2217(98)00368-3.

varianti che si possono sviluppare successivamente; per tale applicazioni il *database* considerato può essere integrato con dati relativi al sequenziamento genetico dell'elemento patogeno così come è stato proposto nella *clinical metagenomic*²⁵ in cui si integrano grazie al *next-generation sequencing* (NGS) le analisi genomiche tanto dell'agente patogeno quanto dell'organismo *host*.

L'integrazione di tali dati genomici tra le *features* del *database* clinico, che può essere analizzato dai CDSS, è una possibile soluzione per la realizzazione di quella che è stata definita come “epidemiologia di precisione”²⁶ in cui oltre ai tradizionali dati statistico-epidemiologici si analizzano le varianti genetiche degli agenti patogeni per incrementare le possibilità decisionali e di controllo della pandemia.

Conclusioni

In questo saggio è stata brevemente delineata una prospettiva sistemica che si basa, e in parte estende, la visione dell'*One-Health* ai problemi di sicurezza sanitaria ponendo attenzione anche alla centralità che possono avere l'utilizzo delle bio-tecnologie e dell'Intelligenza artificiale nel ridefinire la logica della scoperta scientifica di una nuova malattia. Sulla base di tali analisi è stato delineato a grandi linee un possibile utilizzo di sistemi di AI che integrino metodologie diverse (e.g. *supervised* e *unsupervised*) con dati eterogenei come quelli derivanti dalla clinica, dalla metagenomica e dalla epidemiologia di precisione. Ovviamente, sistemi di tale tipologia necessitano di una digitalizzazione sistemica ed una integrazione tra fonti eterogenee di dati, che rappresentano un'ulteriore sfida per un sensibile incremento delle capacità decisionali negli attuali e futuri scenari pandemici.

FRANCESCO GAGLIARDI dopo aver conseguito la laurea *cum laude* in Fisica si è specializzato in Ingegneria del Software conseguendo un Master Universitario di Secondo livello e successivamente si è occupato di Intelligenza Artificiale conseguendo

²⁵ Charles Y. Chiu, Steven A. Miller, “Clinical metagenomics”.

²⁶ Jason T. Ladner, Nathan D. Grubaugh, Oliver G. Pybus, Kristian G. Andersen, “Precision epidemiology for infectious disease control,” *Nature Medicine* 25, no. 2 (2019):206–211. DOI:10.1038/s41591-019-0345-2.

un Dottorato di Ricerca in Informatica. Attualmente è in servizio presso l'Agenzia Industrie Difesa in qualità di Funzionario tecnico del Ministero della Difesa. È autore di più di 70 tra comunicazioni a convegno e pubblicazioni scientifiche nelle quali si è occupato di Intelligenza Artificiale e delle sue applicazioni in ambito medico, psicologico e biologico, così come degli aspetti metodologici e storico-epistemologici relativi. In particolare, nell'ambito dell'Intelligenza Artificiale in medicina ha realizzato, già nel 2002, un sistema *unsupervised* di AI per la scoperta di sindromi e nel 2011 ha proposto degli innovativi sistemi di diagnosi automatica che, integrando al loro interno degli algoritmi di tipo *unsupervised*, consentono anche la contestuale individuazione autonoma delle specifiche sindromi con cui si manifestano le diverse malattie.

Si precisa che le opinioni espresse nel presente elaborato, ricevuto e reso disponibile nell'ambito dell'iniziativa Call for Papers #CASD2021, sono attribuibili esclusivamente all'autore e non rispecchiano necessariamente il punto di vista del Centro Alti Studi per la Difesa.

