

Ulteriori notizie preoccupanti sull'influenza aviaria: i gatti potrebbero diventare portatori di influenza aviaria?



Ad oggi H5N1 clade 2.3.4.4b è stato segnalato in oltre 90 specie di uccelli selvatici e domestici e più di 21 specie di mammiferi, tra cui bovini, volpi, puzzole, leoni marini, visoni, delfini, cani procione, gatti e foche, e nell'uomo. Sul ruolo dei gatti come me

portatori del virus dell'influenza aviaria H5N1 due fonti indirizzano verso questo scenario: un [studio](#) pubblicato questa settimana sulla rivista *Emerging Microbes and Infections* dal titolo 'Neurotropismo marcato e potenziale adattamento del virus del clade H5N1 2.3.4.4.b nei gatti domestici infettati naturalmente', e la [sospetta influenza aviaria H5 rilevata nei gatti](#) della contea di Los Angeles associata al consumo di latte crudo oggetto di richiamo e proveniente da un allevamento da latte risultato positivo al virus dell'influenza aviaria H5 nelle vacche e nel latte. I gatti risultati positivi al virus H5N1 clade 2.3.4.4b dopo il consumo di latte crudo hanno manifestato sintomi che includevano mancanza di appetito, febbre e segni neurologici con peggioramento delle condizioni e decesso. Ancora più recente è la notizia di [un'epidemia di influenza aviaria](#) che ha colpito un piccolo numero di animali al Wildlife World Zoo vicino a Phoenix, in Arizona. I test presso il Dipartimento

dell'Agricoltura dell'Arizona hanno mostrato che i campioni erano probabilmente positivi per H5N1. I funzionari della sanità pubblica stanno lavorando per identificare il personale e i volontari che probabilmente hanno avuto un'esposizione prolungata agli animali.

I ricercatori dello studio sopracitato hanno trovato due nuove mutazioni nella proteina PA (F314L, L342Q) che possono influenzare sia l'attività della polimerasi, un enzima che il virus usa per copiare il suo genoma che la virulenza, espressa dalla emoagglutinina, l'H in H5N1, la proteina che il virus usa per attaccarsi alle cellule, per stabilizzarla per la trasmissione per via aerea e aiutarla a legarsi meglio alle cellule nelle vie aeree superiori umane. I risultati dello studio suggeriscono un potenziale adattamento del virus e rilevano una diffusa co-espressione dei recettori dell'acido sialico α -2,6 (presente nell'uomo ed altri mammiferi) e α -2,3 (aviario) che fanno dei gatti potenziali vasi di miscelazione per il riassortimento dei virus dell'influenza aviaria e dei mammiferi. Un cambiamento nell'affinità di legame dell'HA del virus H5N1 dai recettori dell'acido sialico α -2,3 a α -2,6, abbondantemente espresso nelle vie aeree umane superiori, è fondamentale per ottenere la capacità di trasmissione da uomo a uomo. Uno [studio](#) recentissimo pubblicato su *Science* sull'analisi genetica e strutturale delle mutazioni necessarie per modificare completamente il riconoscimento del recettore ospite da parte del virus ha evidenziato come una singola mutazione dall'aminoacido glutamina a leucina al residuo 226 dell'antigene virale emoagglutinina (HA) sia stata sufficiente a modificare la specificità aviaria a quella umana. Tuttavia, una mutazione della polimerasi, soprannominata 627K perché porta all'amminoacido lisina (K) alla posizione 627 della proteina, è stata trovata più volte nei ceppi che infettano i mammiferi nonché in quelli isolati dal primo caso umano associato all'epidemia negli Stati Uniti nelle vacche da latte. E' anche vero che i virus negli uccelli, nei bovini e nell'uomo ad oggi non hanno mostrato mutazioni

dell'emoagglutinina 226L che consentirebbe a H5N1 di agganciarsi meglio ai recettori umani. In natura, il verificarsi di questa singola mutazione potrebbe essere un indicatore del rischio di pandemia umana. I ricercatori ritengono che perché il virus abbia successo sia necessaria una combinazione specifica di mutazioni nella neurominidasi ed emagglutinina. Le due proteine hanno effetti opposti sulle stesse catene di zucchero (acido sialico) sulla superficie delle cellule umane: l'emagglutinina si attacca a queste catene, aiutando il virus a infettare nuove cellule, mentre la neuraminidasi taglia quelle catene, liberando il virus appena formato dalle cellule ospiti. [Se l'emoagglutinina è troppo appiccicosa e la neuraminidasi è troppo povera, il virus rimane bloccato nella cellula. E' una questione di equilibrio che consente al virus di infettare nuove cellule.](#)

Da quando il virus ha iniziato a circolare nei bovini da latte negli USA ([rilevato in 832 allevamenti in 16 stati](#)) con almeno 60 casi umani, la maggior parte dei quali associati a stretto contatto con vacche da latte o pollame infetti (ma gli esperti ritengono che la cifra stata sottovalutata data la mancanza di test obbligatori), si sono verificati diversi decessi nei gatti negli allevamenti da latte colpiti. Dalla fine del 2022, almeno [53 gatti domestici](#) negli Stati Uniti sono stati infettati dal virus H5N1 2.3.4.4b. I gatti possono essere esposti all'influenza aviaria cibandosi di uccelli infetti o altri animali o consumando latte non pastorizzato di vacche infette. Si stima che la versione attuale di H5N1 abbia un [tasso di mortalità nei felini del 67%](#). Il virus dell'influenza aviaria H5 può trasmettersi da mammifero a mammifero. L'attuale versione del ceppo H5N1 si è dimostrata sorprendentemente promiscua infettando non solo 90 specie di uccelli ma più di 20 specie di mammiferi. I gatti domestici potrebbero dunque fornire questo nuovo percorso inaspettato per l'H5N1 con il rischio di evolvere in una forma più pericolosa. Ad oggi i gatti hanno trasmesso un altro ceppo influenzale all'uomo, ma mai l'H5. Tuttavia, nell'eventualità

che un gatto venisse infettato contemporaneamente da H5N1 e dal virus dell'influenza stagionale, H5N1 potrebbe potenzialmente acquisire le mutazioni necessarie per l'adattamento ai mammiferi, alcune delle quali già evidenziate, per diffondersi in modo efficiente tra le persone. Il nuovo studio sopra citato evidenzia la necessità per i funzionari di sanità pubblica di rafforzare la sorveglianza dell'influenza aviaria nei felini domestici. Nei mesi passati in USA i test per la ricerca di H5N1 si sono limitati alle vacche da latte e uomo, lasciando gli esperti all'oscuro della vera portata dei focolai epidemici. Il [Dipartimento dell'agricoltura \(USDA\)](#)- sebbene in ritardo, quasi un anno dopo che il virus ha iniziato a circolare attraverso i bovini da latte- ha annunciato un programma di esecuzione di test su campioni di latte non pastorizzato da grandi centri di stoccaggio ubicati negli impianti di lavorazione del latte in tutto il paese al fine di individuare gli allevamenti infetti, ma senza includere il monitoraggio di altri animali da allevamento, per non parlare di quelli domestici.

Come detto i virus dell'influenza aviaria si agganciano naturalmente ai recettori di tipo aviario presente negli uccelli. Diversamente i virus dell'influenza stagionale richiedono recettori di tipo umano abbondantemente espressi nelle vie aeree umane superiori. Naturalmente, preoccupano sia i suini che dispongono di entrambi i tipi di recettori e per tale ragione fungono da vasi di miscelazione ideali con lo scambio di geni di entrambi i virus, che altre specie animali. Difatti lo studio citato ha rilevato nei gatti entrambi i tipi di recettori nel cervello, nei polmoni e nel sistema gastrointestinale, il che li rende ospiti ideali di entrambi i virus. Man mano che la stagione influenzale riprende nelle prossime settimane negli USA, aumentano anche le probabilità che i gatti vengano infettati contemporaneamente da H5N1 e da un virus dell'influenza stagionale. L'acquisizione della specificità del recettore di

tipo umano è necessaria per la trasmissione da uomo a uomo del virus influenzale ed è uno dei principali fattori considerati per il rischio di pandemia di un nuovo ceppo animale di influenza aviaria.

Dott. Maurizio Ferri, Coordinatore scientifico della SIMeVeP

Africa: genetica zanzare spiega perchè virus Zika poco diffuso



C'entrano anche le zanzare se in Africa le epidemie del virus Zika sono rare. Un equilibrio che tuttavia potrebbe essere alterato dai cambiamenti climatici. Uno studio dell'High Meadows Environmental Institute (HMEI) presso la Princeton University, l'Institut Pasteur e

della University of California, San Diego (US), pubblicato su The Lancet Planetary Health, dimostrerebbe che i bassi tassi correlati alla diffusione del virus Zika, responsabile di difetti alla nascita e di devastanti epidemie nelle Americhe dal 2015 al 2016, possa dipendere dalla composizione genetica delle zanzare autoctone africane. “Esistono due specie di zanzara che diffondono Zika”, dichiara Jamie Caldwell, Associate Research Scholar presso l'HMEI, “ciascuna con tipiche preferenze alimentari e capacità di trasmissione della malattia. Questa differenza genetica potrebbe spiegare perché Zika ha ampiamente risparmiato l'Africa, continente in cui il

virus è stato originariamente scoperto, nonostante la presenza di grandi popolazioni di zanzare e le condizioni climatiche favorevoli alla loro attività". In particolare la forma specializzata umana preferisce pungere gli esseri umani ed ha tendenza a vivere in aree urbane densamente popolate.

Al contrario, la forma ancestrale africana che domina in Africa, è "generalista" e si nutre sia di esseri umani che di animali e proprio la dieta mista ridurrebbe le possibilità che una zanzara infettiva punga un essere umano. Inoltre, la forma ancestrale africana è meno efficace nell'acquisire e trasmettere Zika rispetto alle quelle specializzate umane, costituendo una barriera naturale alla diffusione del virus nel continente africano. Sebbene entrambe le forme di zanzare vivano in Africa, la diversità delle popolazioni di zanzare spiegherebbe la variazione del carico di Zika in Africa, o quale altra ipotesi il contenimento epidemico sul territorio potrebbe dipendere dalla temperatura locale: l'Africa subsahariana ha il clima ideale per la trasmissione del virus Zika, mentre aree con temperature troppo calde o fredde potrebbero limitare la diffusione del virus. Il clima è infatti considerato un "trigger", cioè un fattore stimolante importante, anche per la distribuzione di altre malattie correlate alle stesse specie di zanzare, come la dengue e la febbre gialla, e in grado di influenzare molti aspetti della trasmissione virale, come la frequenza con cui le zanzare pungono o la velocità con cui si sviluppano in adulti che prediligono gli esseri umani.

La creazione di modelli per studiare gli effetti genetici sulle preferenze di puntura delle zanzare e sulla capacità di diffondere il virus, così come per comprendere il ruolo della temperatura nell'influenzare lo sviluppo, la sopravvivenza e la capacità di trasmissione delle zanzare, ha permesso ai ricercatori di rilevare l'importanza della componente genetica della popolazione di zanzare con un ruolo di maggior peso rispetto al clima. Ciò avrebbe permesso di correlare la

proporzione di zanzare specializzate umane in diverse popolazioni in Africa al carico del virus Zika.

Poiché il clima gioca comunque un ruolo importante nel processo di trasmissione, le attuali variazioni climatiche, come anche la rapida urbanizzazione, potrebbero rendere le città africane più vulnerabili alle epidemie del virus Zika nel prossimo futuro. I ricercatori hanno stimato che su un totale di 59 città africane considerate, con una densità di popolazione superiore a 1 milione, 23 città, pari al 39%, rispondano alle condizioni favorevoli per la diffusione di un'epidemia di Zika. Se le attuali proiezioni sul clima e sulla crescita della popolazione e gli effetti previsti sulle zanzare si rivelassero accurati, altre 22 città diventeranno luoghi adatti alla contaminazione di Zika, portando a 76% le città africane più popolate. "La nostra ricerca sottolinea l'urgente necessità di sistemi di sorveglianza delle zanzare, soprattutto nelle città con popolazioni in rapida crescita dove anche il cambiamento climatico potrebbe alterare le dinamiche della malattia e sulla diffusione globale di Zika in modi inaspettati", ha concluso il Noah Rose, coautore dello studio e professore associato presso l'Università della California, San Diego.

Fonte: AGI

Malattia X da causa X in Congo, la storia si ripete!



La “nuova” malattia insorta nella Repubblica Democratica del Congo, già messa a dura prova dall’epidemia di “Monkeypox”, avrebbe sin qui provocato almeno 450 casi e oltre 30 decessi, soprattutto fra i bambini al di sotto dei 5 anni.

A dispetto della recentissima notizia relativa alla presenza di una “coinfezione” da *Plasmodium falciparum/vivax/malariae* – agenti della malaria, malattia endemica nel Continente Africano – nell’80% dei pazienti colpiti dalla “nuova” malattia congolese, fattispecie quest’ultima che renderebbe oltremodo di plausibile e giustificata la frequente coesistenza di quadri anemici negli stessi, l’Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) e le più importanti Istituzioni planetarie coinvolte nella lotta, nel controllo e nella profilassi delle malattie infettive (quali i prestigiosi “Centers for Disease Control and Prevention”/CDC di Atlanta, negli USA) brancolano ancora nel buio.

A tal proposito, infatti, andrebbe parimenti sottolineato che i succitati quadri anemici si rinvenirebbero comunemente associati ad altre manifestazioni cliniche comprendenti tosse, disturbi respiratori, cefalea ed ipertermia febbrile, elementi dai quali trarrebbe sostegno l’ipotesi di un coinvolgimento di uno o più patogeni respiratori, ai quali potrebbe essere altresì ascritto il ruolo di agente/agenti primario/primari.

Mutatis mutandis, ben prima che il virus responsabile dell’AIDS (Human Immunodeficiency Virus/HIV) venisse contemporaneamente e definitivamente identificato da Luc Montagnier (in Francia) e da Robert Gallo (in USA) nel lontano

1983, i sospetti iniziali si erano indirizzati, per oltre due anni, su *Pneumocystis carinii* (successivamente ribattezzato *P. jirovecii*), un protozoo di frequente riscontro nei pazienti affetti da AIDS e che “col senno di poi” avrebbe rappresentato la “punta dell’iceberg” dell’infezione da HIV, costituendo al tempo stesso uno degli svariati agenti opportunisti responsabili di infezioni secondarie in tali individui.

In effetti, si potrebbero citare molteplici esempi di infezioni secondarie sostenute da protozoi sia in persone che in animali primariamente infetti ad opera di agenti immunodeprimenti/immunodepressivi, virali e non, quali *Toxoplasma gondii* sempre in pazienti con AIDS nonché in cani affetti da cimurro (malattia causata da “Canine Distemper Virus”/CDV, un Morbillivirus) e in delfini con infezione da “Cetacean Morbillivirus” (CeMV, un altro Morbillivirus).

E, poiché di agenti protozoari anche nel caso di *Plasmodium falciparum*, *P. vivax* e *P. malariae* si tratta, l’ipotesi di un coinvolgimento secondario degli stessi nell’eziologia della misteriosa malattia congolese potrebbe risultare plausibile, tanto più in ragione del fatto che i disturbi respiratori osservati nei bambini affetti da siffatta “sindrome X” non rientrerebbero fra i reperti clinico-sintomatologici tipici della malaria.

Se poi andiamo a scavare, neppure più di tanto, nell’affascinante storia delle malattie infettive, fatto salvo il succitato eloquente esempio dell’AIDS, ci accorgiamo che l’identificazione di SARS-CoV, il betacoronavirus responsabile della SARS – malattia riconosciuta per la prima volta nel 2002 dal medico italiano Carlo Urbani, poi deceduto a causa della stessa – è stata preceduta dall’attribuzione, ad opera di ricercatori cinesi, di una responsabilità causale non già ad un agente virale, ma bensì a batteri del genere *Chlamydia*.

Nel mondo animale poi, tanto per citare un ulteriore, eloquente esempio, prima che si addivenisse alla scoperta di

una serie di nuovi membri del genere Morbillivirus quali responsabili di devastanti epidemie fra i mammiferi marini (Pinnipedi e Cetacei), la cui salute e conservazione appaiono sempre più minacciate per mano dell'uomo, altri agenti erano stati indiziati quali noxae causali, primo fra tutti Herpesvirus, rivelatosi in seguito un patogeno frequentemente coinvolto in infezioni secondarie. Illuminanti esempi di questo tipo non mancano neppure tra gli ospiti animali invertebrati, come chiaramente ci mostrano i ripetuti episodi di mortalità collettiva che in anni recenti hanno interessato le popolazioni di nacchere (*Pinna nobilis*) in più aree del Mediterraneo. Si tratta del più grande mollusco bivalve lamellibranco presente nella regione, i cui eventi di mortalità collettiva erano stati ricondotti all'azione di un protozoo (*Haplosporidium pinnae*) e di batteri (*Mycobacterium sherrisii*, *Vibrio mediterranei*) prima che si addivenisse a definirne l'eziologia primaria, ascrivibile ad un piccolo virus a RNA facente parte dell'ordine Picornavirales, rispetto al quale il parassita e i due batteri anzidetti andrebbero considerati come agenti opportunisti d'irruzione secondaria.

Alla luce di quanto sopra, verrebbe da dire che la "malattia X" recentemente identificata in Congo non rappresenti un'eccezione alla regola secondo cui l'identificazione certa di qualsivoglia agente causale di qualsivoglia nuova malattia infettiva (e non) sia anticipata, giocoforza, da "errori" grazie ai quali l'accertamento della responsabilità eziologica primaria emergerà a tempo debito e a coronamento degli sforzi profusi dalla Comunità Scientifica, in una sana ottica di collaborazione intersettoriale e multidisciplinare e, nondimeno, nel segno della "One Health", la salute unica di uomo, animali ed ambiente.

Historia Magistra Vitae!

Giovanni Di Guardo,

DVM, Dipl. ECVP,

Già Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso la Facoltà di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Teramo

Focus sull'uso del farmaco negli animali d'affezione



La SIMeVeP in collaborazione con ADMV, Associazione Donne Medico Veterinario, ha organizzato per il 18 dicembre il Webinar dal titolo "Focus sull'uso del farmaco negli animali d'affezione" tenuto dalla dottoressa Silvia Fiorina e dal dottor Marco Cecchetto del [Gruppo di lavoro SIMeVeP "Farmaco veterinario e Antibioticoresistenza"](#).

L'incontro, rivolto esclusivamente ai medici veterinari, è stato organizzato per rispondere a domande pratiche e prevenire errori che potrebbero causare sanzioni. Verranno affrontate le problematiche legate alla gestione delle prescrizioni, all'uso di farmaci generici e alla complessa situazione del mercato, dove la scarsità di farmaci veterinari specifici spesso costringe i professionisti a scelte

difficili.

Il convegno rappresenta un'occasione unica per acquisire chiarezza sulle novità normative e per ricevere linee guida operative da massimi esperti del settore.

[Info sull'evento](#)

Ferri: PSA tra fattori di rischio e di protezione



L'EFSA in un rapporto scientifico del 4 Dicembre 2024 dal titolo 'Fattori di rischio e di protezione per la Peste suina africana nei suini domestici e nei cinghiali nell'UE e misure di mitigazione per la gestione della malattia nei cinghiali', utilizzando revisioni delle

pubblicazioni scientifiche, studi sul campo, questionari e modelli matematici, individua e valuta cinque aspetti epidemiologici della PSA.

In primo luogo i risultati della revisione della letteratura e di uno studio caso-controllo negli allevamenti di suini commerciali, sottolineano l'importanza dei fattori di rischio legati alla biosicurezza e pratiche agricole, compresa la diffusione del letame intorno agli allevamenti e l'uso di materiale da lettiera, mentre l'uso di reti anti-insetti svolge una azione protettiva. Per quanto riguarda la densità dei cinghiali, ritenuto essere un fattore rilevante dal punto di vista epidemiologico, i modelli statistici e

meccanicistici utilizzati non hanno evidenziato un effetto chiaro e coerente sull'epidemiologia della PSA negli scenari selezionati, diversamente da altri fattori ambientali, come vegetazione, altitudine, clima e barriere che influenzando la connettività della popolazione, svolgono un ruolo epidemiologico chiave per la PSA nei cinghiali.

Riguardo alla presenza e sorveglianza di *Ornithodoros erraticus* sembra che questa zecca non abbia avuto alcun ruolo nell'attuale epidemia di PSA nelle aree colpite dell'UE. Le prove scientifiche disponibili suggeriscono invece che le mosche delle stalle e i tafani sono esposti alla PSA, hanno la capacità di introdurre l'infezione negli allevamenti e trasmetterla ai suini, anche se non è chiaro se ciò si verifichi e, in caso affermativo, in che misura.

Molto si è parlato delle recinzioni, ricordiamo quelle costruite in Danimarca lungo i confini con la Germania, dopo i primi focolai in quest'ultimo paese nel 2020 nei cinghiali nelle zone immediatamente adiacenti al confine con la Polonia. Ebbene la ricerca e l'esperienza sul campo dei paesi colpiti nell'UE dimostrano che il loro uso, potenzialmente abbinato alle infrastrutture stradali esistenti, insieme ad altri metodi di controllo come l'abbattimento e la rimozione delle carcasse di cinghiali, può ridurre efficacemente i movimenti dei cinghiali contribuendo alla gestione della PSA in natura. Le recinzioni possono contribuire a controllare l'infezione in entrambi gli scenari di introduzioni focali e diffusione a onde. In ultimo, i vaccini. Si è dimostrato che l'uso dell'ormone di rilascio delle gonadotropine (GnRH) come contraccettivo immunitario, ha il potenziale, come strumento complementare, di ridurre e controllare le popolazioni di cinghiali. Tuttavia, lo sviluppo di un vaccino orale GnRH per i cinghiali richiede ulteriori studi scientifici.

Dott. Maurizio Ferri, Coordinatore scientifico della SIMEVeP

I numeri dei grandi carnivori in Europa



In Europa vivono sei specie di grandi carnivori: orso, lupo, lince eurasiatica, lince iberica, ghiottone e sciacallo dorato. La maggior parte delle popolazioni di questi predatori ha mostrato negli ultimi sei anni un complessivo trend di crescita sia numerica che di

distribuzione, come dimostra [il report](#) realizzato per l'Unione europea dal Large Carnivore Initiative for Europe (LCIE), gruppo specialistico dell'Unione Internazionale per la Conservazione della Natura (IUCN) che si occupa della conservazione e gestione dei grandi carnivori in Europa. Studiare gli andamenti numerici e distributivi di una popolazione animale è fondamentale per capire l'evoluzione e lo "stato di salute" di una popolazione e di conseguenza per indirizzare le scelte gestionali e di conservazione. Lo è per qualsiasi specie, e nel caso dei grandi predatori è cruciale per ricondurre il discorso, che è spesso fortemente polarizzato, su dati oggettivi.

Il report della LCIE, a firma di oltre 200 esperti europei, ha proprio lo scopo di fornire un quadro di sintesi basato sui migliori dati disponibili raccolti tra il 2017 e il 2022.

L'area investigata comprende 34 stati: oltre a quelli che fanno parte dell'UE, anche Svizzera, Norvegia e parte dell'Ucraina e della Turchia. La distribuzione delle specie è stata valutata mappando tutti i dati di presenza, classificati in base all'affidabilità del dato (una valutazione basata su una serie di criteri rigorosi), e sovrapponendo alla carta una griglia con quadrati di 10 Km di lato, un metodo utilizzato per fare la valutazione di tutte le specie animali e vegetali protette dalla Direttiva habitat. Le mappe prodotte distinguono per ogni quadrato se si tratta di una presenza stabile della specie o occasionale. Per tutte, è stato fatto un confronto con le stime ottenute nel report analogo pubblicato nel 2016.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte:scienzainrete.it

**Encefalopatie spongiformi
trasmissibili (TSE): il
rapporto EFSA sulla
situazione nell'UE**



La presente relazione presenta i risultati della sorveglianza sulle encefalopatie spongiformi trasmissibili nei bovini, negli ovini, nei caprini, nei cervidi e in altre specie e della genotipizzazione negli ovini e nei caprini, effettuata nel 2023 da 27 Stati membri (SM, UE-27),

dal Regno Unito (rispetto all'Irlanda del Nord (XI)) e da altri otto paesi dichiaranti non appartenenti all'UE: Bosnia-Erzegovina, Islanda, Montenegro, Macedonia del Nord, Norvegia, Serbia, Svizzera (i dati comunicati dalla Svizzera comprendono quelli del Liechtenstein) e Turchia.

In totale, 948 165 bovini sono stati sottoposti a test nell'UE-27 e nell'UE XI (-3 % rispetto al 2022), con cinque casi atipici di BSE segnalati (quattro di tipo H: due in Spagna, uno in Francia e uno in Irlanda; un tipo L nei Paesi Bassi); e 46.096 bovini da otto paesi non UE dichiaranti con due casi atipici di BSE segnalati dalla Svizzera. Altri tre casi atipici di BSE sono stati segnalati da Regno Unito (1), Stati Uniti (1) e Brasile (1). In totale, 284.686 ovini e 102.646 caprini sono stati sottoposti a test nell'UE-27 e nell'UE XI (rispettivamente -3,5 % e -5,9 %, rispetto al 2022).

Negli altri paesi dichiaranti non appartenenti all'UE sono stati sottoposti a test 26.047 ovini e 589 caprini. Negli ovini sono stati segnalati 538 casi di scrapie da 14 SM e XI: 462 casi di scrapie classica (CS) per 4 SM (104 casi indice (IC) con genotipi di gruppi sensibili nel 93,4% dei casi), 76 casi di scrapie atipica (AS) (76 IC) per 12 SM. Negli altri paesi dichiaranti non appartenenti all'UE, l'Islanda ha segnalato 70 casi di CS, mentre la Norvegia ha segnalato 7 casi di AS ovino. La genotipizzazione casuale degli ovini è stata riportata da sei SM e i genotipi dei gruppi sensibili

rappresentavano il 6,9%. Nei caprini sono stati segnalati 183 casi di scrapie, tutti provenienti da Stati membri dell'UE: 176 SC (47 CI) da sette SM e 7 SA (7 CI) da cinque SM. Tre casi a Cipro e uno in Spagna sono stati segnalati in capre portatrici di alleli eterozigoti al codone 146 e 222, rispettivamente. In totale, 2096 cervidi sono stati testati per la malattia del deperimento cronico da dieci SM, nessuno è risultato positivo. La Norvegia ha testato 14.224 cervidi con un alce europeo positivo.

[Leggi il rapporto](#)

Fonte: EFSA

Le etichette degli alimenti possono trarre in inganno i consumatori dell'UE



I consumatori possono facilmente perdersi in un labirinto di etichette degli alimenti, avverte la Corte dei conti europea in una relazione pubblicata in data odierna. L'etichettatura degli alimenti dovrebbe aiutare le persone a prendere decisioni consapevoli al momento dell'acquisto. I consumatori dell'UE sono però esposti ad un numero crescente di indicazioni, loghi, slogan, etichette e punteggi che possono non solo creare confusione, ma anche risultare fuorvianti.

Le etichette forniscono informazioni sul contenuto e sulle

proprietà degli alimenti. Spesso sono utilizzate anche per rendere i prodotti più attraenti, sottolineandone presunti benefici, come il fatto di essere salutari, biologici o senza glutine. Le norme dell'UE prevedono che le etichette forniscano ai consumatori alcune informazioni di base, il che è certo un buon punto di partenza. La Corte ha però rilevato una serie di lacune preoccupanti nella normativa, nonché problemi per quanto riguarda i controlli e le sanzioni pecuniarie.

“Invece di fare chiarezza, le etichette degli alimenti creano spesso confusione: esistono centinaia di regimi, loghi e indicazioni che il consumatore deve saper decifrare”, ha dichiarato Keit Pentus-Rosimannus, il Membro della Corte dei conti europea responsabile dell'audit. “Le imprese sanno essere molto creative su cosa riportare sugli imballaggi e le norme dell'UE non stanno al passo con un mercato in continua evoluzione: circa 450 milioni di consumatori dell'UE sono quindi indifesi di fronte a messaggi volontariamente o involontariamente fuorvianti”.

Il problema è che le lacune della normativa UE possono lasciare i consumatori in balia di informazioni ingannevoli. Ad esempio, le norme dell'UE permettono l'utilizzo di indicazioni nutrizionali e sulla salute anche per prodotti ad alto contenuto di grassi, zuccheri e/o sale, il che fa sì che alimenti dolci, come le barrette energetiche, possono essere pubblicizzate evidenziando l'“alto contenuto di proteine”. Analogamente, i consumatori sono sempre più esposti a indicazioni sulla salute non regolamentate relative a sostanze vegetali o “botaniche” (come “contribuisce al recupero energetico” o “migliora le prestazioni fisiche”) anche se non sono suffragate da prove scientifiche.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: eca.europa.eu

Microplastiche e salute: l'indagine è aperta



Vent'anni fa un articolo apparso su [Science](#) indicava con il termine “microplastiche” alcuni detriti di materiale plastico di dimensioni molto piccole ritrovate nell'ambiente. A partire da quella data, la ricerca delle microplastiche in vari ambienti (compreso il corpo

umano) e del loro effetto sugli esseri viventi si è espansa in differenti ambiti scientifici.

La plastica è un materiale molto diffuso grazie alle sue proprietà di leggerezza, all'eccellente durata, alle caratteristiche meccaniche e al prezzo accessibile. Tuttavia, queste stesse caratteristiche possono rappresentare un possibile rischio per l'uomo e l'ambiente.

Di recente, sia Nature sia Science hanno dato largo spazio ai problemi legati alla plastica e ai suoi rifiuti, considerando i risultati della ricerca, le sfide ancora da superare e le decisioni politiche scaturite dagli studi.

La plastica intorno a noi

I dati raccolti da Lampitt nel 2023 parlano chiaro: la nostra produzione di rifiuti plastici oggi si attesta intorno alle 400 milioni di tonnellate l'anno. Finora, si stima siano state prodotte sette miliardi di tonnellate di plastiche a livello globale.

L'80 per cento di questi rifiuti sono dispersi nell'ambiente, mentre solo il 10% è riciclato (dati Oecd). Gli occhi di ricercatori, politici e ambientalisti sono puntati sui rifiuti plastici perché fonte di un secondo prodotto che può creare danni all'ambiente e agli organismi viventi: le microplastiche, se diametro inferiore ai cinque millimetri, mentre quelle inferiori a un micron sono dette nanoplastiche.

Le sorgenti dirette che danno origine a microplastiche sono molteplici: pneumatici, tessuti, cosmetici, vernici etc. Però le microplastiche si formano anche in modo indiretto dalla frammentazione di oggetti di grandi dimensioni, come i rifiuti plastici, sottoposti a radiazioni UV e alla degradazione meccanica e biologica.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: aboutpharma.com

Plankton a rischio. È allarme per oceani e pesca



Un nuovo studio condotto dall'[Università di Bristol](#), pubblicato su *Nature*, lancia un segnale d'allarme: se il riscaldamento globale di origine antropica non verrà contenuto, molte forme di vita marina rischiano l'estinzione entro la fine del secolo. La ricerca si

concentra sul plankton, minuscoli organismi oceanici fondamentali per l'ecosistema marino, analizzando come hanno

risposto a significativi aumenti di temperatura in passato e confrontandoli con le proiezioni future.

Il ruolo cruciale del plancton negli oceani

Il plancton rappresenta il fulcro della catena alimentare marina e svolge un ruolo essenziale nel ciclo del carbonio. Tuttavia, i risultati della ricerca mostrano che questi organismi non riescono a tenere il passo con la velocità dei cambiamenti climatici attuali. Questo mette a rischio non solo la loro sopravvivenza, ma anche quella di molte specie marine che dipendono da essi per il cibo, inclusi numerosi pesci di interesse commerciale.

Lo studio rivela che anche con scenari più ottimistici, come un aumento di temperatura di 2°C, il plankton non sarebbe in grado di adattarsi rapidamente. Il tasso di riscaldamento attuale supera di gran lunga quello osservato durante eventi climatici estremi del passato, come l'ultima Era Glaciale, rendendo impossibile una migrazione o un adattamento sufficiente.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: pesceinrete.com