

Covid: gli animali più a rischio? Quelli che frequentano l'uomo



Mucche, gorilla e orsi sono a più alto rischio di contagiarsi di SARS-CoV-2. Più in generale, tutte le specie a stretto contatto con l'uomo. A scoprirlo, lo studio del Cary Institute of Ecosystem Studies, [pubblicato su Proceedings of the Royal Society B](#). Per arrivare a

questi risultati, i ricercatori hanno utilizzato un nuovo approccio con un modello computerizzato in grado di prevedere la capacità di contrarre l'infezione da SARS-CoV-2 di 5.400 specie di mammiferi ed estendendo la capacità predittiva di rischio Covid-19 di vari ordini di grandezza.

Delle specie ad alto rischio segnalate, secondo lo studio, molte vivono vicino alle persone e negli hotspot Covid-19.

Secondo i ricercatori, un importante ostacolo alla previsione delle specie di mammiferi ad alto rischio sono i dati limitati su ACE2, il recettore cellulare a cui si lega SARS-CoV-2 negli animali. ACE2 consente a SARS-CoV-2 di entrare nelle cellule ospiti e si trova in tutti i principali gruppi di vertebrati. È probabile che tutti i vertebrati abbiano recettori ACE2, ma le sequenze erano disponibili solo per 326 specie. Per superare questo ostacolo, il team ha sviluppato un modello di apprendimento automatico che combinava i dati sui tratti biologici di 5.400 specie di mammiferi con i dati disponibili su ACE2.

L'obiettivo: identificare le specie di mammiferi con

un'elevata “capacità zoonotica” – la capacità di contrarre l’infezione da SARS-CoV-2 e trasmetterla ad altri animali e persone. Il metodo che hanno sviluppato potrebbe aiutare a estendere la capacità predittiva per i sistemi di malattie oltre il Covid-19.

“Il SARS-CoV-2 ha avuto origine in un animale prima di fare il salto alle persone” – commenta l’autore Ilya Fischhoff, del Cary Institute of Ecosystem Studies – “Ora, le persone hanno causato infezioni in una varietà di mammiferi, principalmente quelli tenuti nelle fattorie, negli zoo e persino nelle nostre case. Sapere quali mammiferi sono in grado di reinfettarci è fondamentale per prevenire le infezioni da spillback e nuove varianti pericolose”, conclude. Quando un virus passa dalle persone agli animali e di nuovo alle persone si parla di spillover secondario. Questo fenomeno può accelerare la creazione di nuove varianti nell’uomo che sono più virulente e meno reattive ai vaccini.

La ricaduta secondaria di SARS-CoV-2 è già stata segnalata tra i visoni d’allevamento in Danimarca e nei Paesi Bassi, dove ha portato ad almeno una nuova variante di SARS-CoV-2.

Questo modello matematico ha previsto la capacità zoonotica delle specie di mammiferi con una precisione del 72% e ha identificato numerose altre specie di mammiferi con il potenziale di trasmettere SARS-CoV-2.

Le previsioni corrispondevano ai risultati osservati per cervi dalla coda bianca, visoni, cani procioni, leopardi delle nevi e altri. Il modello ha rilevato che le specie di mammiferi più rischiose erano spesso quelle che vivono in paesaggi disturbati e in prossimità delle persone, inclusi animali domestici, bestiame e animali che vengono scambiati e cacciati. Si prevedeva che i primati avessero la più alta capacità zoonotica e il più forte legame virale tra i gruppi di mammiferi. Il bufalo d’acqua, allevato per il latte e l’allevamento, aveva il rischio più alto tra il bestiame. Il

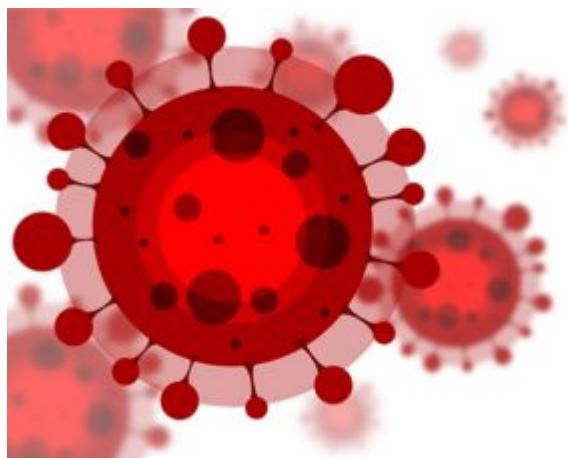
modello ha anche previsto un elevato potenziale zoonotico tra i mammiferi commerciati vivi, tra cui macachi, orsi neri asiatici, giaguari e pangolini, evidenziando i rischi posti dai mercati vivi e dal commercio di animali selvatici. SARS-CoV-2 presenta anche sfide per la conservazione della fauna selvatica.

L'infezione è già stata confermata nei gorilla di pianura occidentale. Per le specie ad alto rischio come i gorilla di montagna, l'infezione da spillback potrebbe verificarsi attraverso l'ecoturismo. Gli orsi grizzly, gli orsi polari e i lupi, tutti nel 90esimo percentile per la capacità zoonotica prevista, sono spesso gestiti dai biologi per la ricerca e la gestione. Han spiega: "Il nostro modello è l'unico che è stato in grado di fare previsioni sui rischi per quasi tutte le specie di mammiferi. Ogni volta che sentiamo parlare di una nuova specie che è stata trovata positiva al SARS-CoV-2, rivisitiamo la nostra lista e scopriamo che è classificata in alto. I leopardi delle nevi avevano un punteggio di rischio intorno all'80° percentile. Ora sappiamo che sono una delle specie selvatiche che potrebbero morire di Covid-19".

Le persone che lavorano a stretto contatto con mammiferi ad alto rischio dovrebbero prendere ulteriori precauzioni per prevenire la diffusione di SARS-CoV-2. Tra questi, la priorità delle vaccinazioni tra veterinari, guardiani dello zoo, allevatori di bestiame e altre persone in contatto costante con gli animali. I risultati possono anche guidare strategie di vaccinazione mirate per i mammiferi a rischio. Un'iterazione più efficiente tra previsioni computazionali, analisi di laboratorio e sorveglianza degli animali ci aiuterà ad ottenere informazioni necessarie per guidare la risposta alla pandemia zoonotica ora e in futuro, concludono gli autori.

Fonte: AGI

Animali e varianti di SARS-CoV-2, quali incognite?



Mentre il numero delle lettere dell'alfabeto greco non ancora utilizzate per designare le varianti di SARS-CoV-2 si assottiglia viepiù, i dati che vanno emergendo dalla sorveglianza epidemiologica e dagli studi condotti sugli animali documentano un

progressivo ampliamento del “range” delle specie sensibili nei confronti dell’infezione naturale, così come di quella sperimentalmente indotta.

Fra queste rientrano, seppur con differenti livelli di suscettibilità, cani, gatti, furetti, criceti, maiali, conigli, leoni, tigri, leopardi delle nevi, puma, iene, cani procione, visoni, cervi a coda bianca, gorilla, ippopotami, otarie ed altre specie ancora.

Di particolare interesse risulta, altresi', la piu' o meno recente identificazione in Cina e nel Laos, in pipistrelli del genere *Rinolophus*, di una serie di sarbecovirus geneticamente correlati (grado di omologia pari se non addirittura superiore al 96%) a SARS-CoV-2 (“Ra-TG13”, “Rm-YN02”, “BANAL-52”, “BANAL-103”, “BANAL-236”), fattispecie quest’ultima che avvalorerebbe in maniera significativa l’origine naturale dell’agente responsabile della CoViD-19, che ha sinora mietuto – dati ufficiali dell’Organizzazione Mondiale della Sanità – ben 6 milioni di vittime su scala globale!

In un siffatto contesto, gli elementi qui di seguito elencati appaiono particolarmente degni di nota:

1) Negli allevamenti intensivi di visoni dei Paesi Bassi e della Danimarca e' stata segnalata, oltre un anno fa, la comparsa di una peculiare variante di SARS-CoV-2 denominata "cluster 5", che si sarebbe selezionata nell'organismo dei visoni previa acquisizione del virus dall'uomo ("viral spillover"), al quale lo stesso sarebbe stato quindi "restituito" in forma mutata dai visoni stessi ("viral spillback").

2) Tassi di sieroprevalenza particolarmente elevati nei confronti di SARS-CoV-2 sono stati recentemente documentati fra i cervi a coda bianca (*Odocoileus virginianus*) popolanti la regione nord-orientale degli USA (40%) e lo Stato dell'Iowa (80%). Le indagini biomolecolari effettuate su questi ultimi hanno altresi' consentito di amplificare sequenze genomiche virus-specifiche a livello dei linfonodi retrofaringei in circa un terzo degli esemplari nel cui emosiero erano presenti anticorpi anti-SARS-CoV-2.

3) La notevole omologia di sequenza esistente, a livello della regione specificamente interagente con il "receptor binding domain" (RBD) della glicoproteina "spike" (S) di SARS-CoV-2, fra il recettore virale ACE-2 dell'uomo e quello del cerbo a coda bianca accrediterebbe quest'ultimo come una specie di mammifero particolarmente sensibile nei confronti del betacoronavirus responsabile della CoViD-19.

Cio' e' stato definitivamente acclarato grazie a due distinti lavori sperimentali, il piu' recente dei quali ha peraltro documentato la trasmissione diaplacentare dell'infezione nei cervi a coda bianca, unitamente ad una maggior suscettibilita' degli stessi alla variante "alfa" (alias "B.1.1.7") di SARS-CoV-2.

4) Casi d'infezione sostenuti dalla variante "alfa" di SARS-

CoV-2 sono stati documentati, abbastanza di recente, in un cane e in due gatti di proprietà con sospetta miocardite in Francia, dopo che un analogo caso d'infezione era stato segnalato in Piemonte in un altro gatto i cui proprietari erano risultati affetti da CoViD-19.

5) La temibile variante "delta" di SARS-CoV-2 (alias "B.1.617.2") è stata segnalata, alcune settimane fa, in criceti "d'affezione" destinati alla vendita all'interno di appositi negozi per animali in quel di Hong Kong, ove si sarebbero successivamente verificati casi d'infezione sostenuti dalla medesima variante in persone frequentanti i succitati esercizi commerciali.

Ove confermato, quest'ultimo rappresenterebbe il secondo caso documentato di "spillback" di SARS-CoV-2 animale (criceto)-uomo, dopo quanto avvenuto poco più di un anno fa negli allevamenti intensivi di visoni dei Paesi Bassi e della Danimarca (ove sono stati abbattuti ben 17 milioni di esemplari!).

6) La presenza della contagiosissima variante "omicron" (alias "B.1.529") di SARS-CoV-2 è stata appena segnalata fra i cervi a coda bianca residenti nello Stato di New York, così come in Ohio.

Quali spunti, riflessioni e considerazioni è possibile desumere da quanto sin qui esposto?

Una premessa appare indispensabile al riguardo: SARS-CoV-2, il cui genoma consta di circa 30.000 nucleotidi, è un RNA-virus e soggiace, come tale, ad un serie di eventi mutazionali la cui frequenza risulta strettamente correlata all'attività replicativa dell'agente patogeno. Detto altrimenti, più il virus si riproduce all'interno delle cellule-ospiti umane e/o animali, più il genoma virale subirà mutazioni.

Ovviamente c'è mutazione e mutazione (guai a fare di ogni erba un fascio!), cosicché ad eventi mutazionali "silenti" o

“sinonimi” (vale a dire che non producono conseguenze sulla sintesi delle proteine virali) se ne affiacheranno altri di segno opposto, definiti appunto “non silenti” o “non sinonimi”, mentre gli “errori replicativi” potranno esser corretti grazie alla cosiddetta “selezione negativa” o “purificante”, il cui “alter ego” sarebbe costituito dalla “selezione positiva” o “darwiniana”. E proprio quest’ultima sarebbe in grado di permettere al virus di acquisire una serie di caratteri “favorevoli” allo stesso, quali una maggior trasmissibilità/contagiosità e/o una più spiccata propensione ad eludere la risposta immunitaria indotta da una pregressa infezione e/o dalla vaccinazione, dando così luogo alla comparsa di reinfezioni da SARS-CoV-2.

La variante “omicron”, albergante in seno al proprio genoma una serie incredibile di mutazioni – cui si aggiungono quelle recentemente identificate nella sotto-variante “BA.2” della medesima -, sembra ricapitolare tutto ciò in maniera quantomai tangibile ed eloquente, se è vero come è vero che l’“indice di trasmissibilità” (il famoso “indice RT”) della stessa sarebbe pari se non addirittura superiore a quello del virus del morbillo (il cui “indice RT” oscillerebbe perlappunto fra 15 e 18), sin qui ritenuto l’agente più diffusivo e contagioso rispetto ai virus noti.

Si calcola che, di pari passo con ogni evento replicativo coinvolgente 10.000 delle 30.000 basi azotate componenti il genoma di SARS-CoV-2, si verificherebbe uno degli eventi mutazionali anzidetti.

In un siffatto scenario, appare oltremodo logico e sensato continuare ad operare e a concentrare i massimi sforzi sullo strategico obiettivo di una quanto più ampia e capillare copertura vaccinale dell’intera popolazione globale, a motivo delle abissali differenze tuttora esistenti, purtroppo, fra Paesi come il nostro e numerosi Paesi africani ed asiatici.

E’ a dir poco sorprendente, di contro, che gli animali – nei

cui confronti la vaccinazione anti-CoViD-19 non e' praticata, fatte salve alcune eccezioni -, così come l'andamento dell'infezione da SARS-CoV-2 fra gli animali – ivi compresa la dianzi ricordata presenza e circolazione, fra gli stessi, di alcune temibili varianti virali -, godano di una considerazione che non esiterei a definire trascurabile, nella migliore delle ipotesi.

Se a tutto ciò si aggiunge, inoltre, l'ancor più sorprendente assenza dei Medici Veterinari dal “Comitato Tecnico-Scientifico” (alias “CTS”), a dispetto degli oltre due anni oramai trascorsi dalla sua istituzione (incredibile visu et auditu!), risulta ben più agevole comprendere, a questo punto, la scarsa considerazione di cui beneficiano – quantomeno nel nostro Paese – gli animali (e non certo da parte delle Istituzioni Veterinarie nonché dei miei Colleghi Veterinari!) nel disegnare e nel prevedere le future traiettorie evolutive dell'infezione da SARS-CoV-2.

Sic est, ahime/ahinoi e per buona pace della “One Health”, la “salute unica di uomo, animali ed ambiente”, di cui con somma ipocrisia ci si continua a riempire la bocca ad ogni pie' sospinto!

L'ultimo pensiero di questo mio articolo desidero riservarlo al fiero Popolo Ucraino che, gia' duramente provato dalla pandemia da SARS-CoV-2 (che in quel Paese ha gia' fatto oltre 100.000 vittime!), si trova a vivere in queste drammatiche giornate la tragica condizione di una guerra assurda, che sta producendo e, temo, produrrà nefaste conseguenze non solo su quella Nazione, ma anche sull'intera Europa.

Giovanni Di Guardo

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

Omicron: non è colpa dei topi



Mentre i casi documentati d'infezione da SARS-CoV-2 ammontano a circa 350 milioni su scala mondiale, con poco meno di sei milioni degli stessi a esito infausto (145.000 e più dei quali in Italia), la contagiosissima variante "Omicron" sta imperversando nei due emisferi e nei cinque continenti, preceduta dalla "Delta" ed affiancata dalla neo genita "Omicron 2", appena identificata in Danimarca.

Secondo uno [studio recentemente pubblicato da ricercatori cinesi su Journal of Genetics and Genomics](#), la variante omicron costituirebbe il frutto di un "progenitore" della stessa, che dall'uomo si sarebbe trasferito al topo (*spillover*), che avrebbe ritrasmesso il virus mutato in guisa di omicron all'uomo stesso (*spillback*). Per quanto suggestiva ed affascinante – e nella pur totale consapevolezza dei molteplici salti di specie e delle innumerevoli traiettorie evolutive che SARS-CoV-2 potrebbe aver compiuto dalla sua origine fino ai giorni nostri – l'ipotesi anzidetta (che per gli Autori dello studio in oggetto corrisponde quasi ad una certezza!), non sembra poggiare su solide basi scientifiche.

Da un punto di vista comparativo, il grado di omologia di sequenza esistente fra il recettore virale ACE-2 umano e quello murino, saltano subito agli occhi le eccessive differenze caratterizzanti la molecola in questione nelle due specie, con particolare riferimento alla regione di ACE-2 specificamente coinvolta nell'interazione con il receptor-

binding domain della glicoproteina Spike (S) di SARS-CoV-2, una sequenza di 25 aminoacidi di rilevanza cruciale ai fini dell'adesione e del successivo ingresso del virus nelle cellule ospiti. Si tratta, pertanto, di una teoria che, pur nel fascino e nella suggestione che la stessa sarebbe in grado di evocare, non sembra godere al momento di sufficiente plausibilità biologica.

Inoltre, la diffusione “virale” di tale notizia può mettere in allarme i proprietari di cani e gatti indotti a credere che i loro beniamini potrebbero dare origine a varianti contagiosissime. Le persone infette o sofferenti per COVID-19 che convivono con cani, gatti o altri animali in casa devono sapere, infatti, che il virus può “trasferirsi” soprattutto ai gatti, i quali possono manifestare una patologia respiratoria. Dunque, meglio evitare contatti stretti. Infine, al momento non ci sono ancora evidenze scientifiche che dimostrano un qualche ruolo dei nostri amati amici a quattro zampe nella trasmissione del coronavirus. Sono pertanto auspicabili ulteriori studi – condotti, si spera, in ossequio al principio della One Health – per meglio definire la relazione tra potenziali serbatoi animali di coronavirus e la possibilità di spillback animale-uomo.

Giuseppe Borzacchiello* e Giovanni Di Guardo**

*Professore di patologia generale e anatomia patologica veterinaria – Dipartimento di Medicina Veterinaria Università degli Studi di Napoli

** Già professore di Patologia generale e Fisiopatologia generale Facoltà di Medicina Veterinaria, Università degli Studi di Teramo

Sicurezza alimentare, aperte le iscrizioni al Congresso “Salute, ambiente, società, un *unicum*”

☒ ☒ Focal point italiano di EFSA informa che **dal 31 gennaio** sono aperte le iscrizioni al Congresso scientifico sul tema “Salute, ambiente, società, un *unicum*”, che si terrà dal 21 al 24 giugno 2022 a Bruxelles e *on line*, per consentire la partecipazione a distanza.

Il **termine per la registrazione** per la partecipazione in loco è il **29 aprile**. Le iscrizioni per la partecipazione *online* rimarranno aperte durante il convegno.

Una sessione plenaria di apertura darà il via all’evento, seguita da una serie di sessioni di approfondimento, raggruppate in quattro percorsi tematici (*ONE Life, ONE Planet, ONE Society e MANY Ways*), ciascuno incentrato su aspetti specifici della sicurezza alimentare.

Le sessioni sono integrate da eventi collaterali e opportunità di *networking* sia per i partecipanti di persona che *on line*.

Una sessione plenaria di chiusura concluderà l’evento, fornendo indicazioni strategiche su come migliorare ulteriormente la sicurezza alimentare.

Alcuni eventi collaterali, sotto forma di *workshop*, si svolgeranno prima dell’inizio ufficiale della conferenza.

Ulteriori informazioni sul programma scientifico sono disponibili alla [pagina EFSA del Congresso](#)

Fonte: Ministero della Salute ☒ ☒

SARS-CoV-2, l'intrigante ed allarmante caso dei cervi a coda bianca statunitensi



Il cervo a coda bianca (*Odocoileus virginianus*) è, in ordine di tempo, l'ultima specie che si aggiunge al già consistente novero di quelle naturalmente e/o sperimentalmente suscettibili nei confronti dell'infezione da SARS-CoV-2, il famigerato betacoronavirus che ha sinora mietuto oltre 5 milioni di vittime nel mondo, 130.000 e più delle quali in Italia.

Il cervide in questione, la cui marcata sensibilità all'infezione sperimentalmente indotta era già stata documentata da un precedente studio che aveva parimenti dimostrato un'elevata omologia di sequenza fra il recettore virale ACE-2 della stessa e quello umano, [albergherebbe infatti, nel 40% dei campioni di emosiero ottenuti da esemplari residenti nella regione nord-orientale degli USA, anticorpi anti-SARS-CoV-2](#). Tassi di prevalenza antincorpale ancor più consistenti, pari a circa l'80% degli individui esaminati, sarebbero stati altresì rilevati in occasione di un'ulteriore indagine condotta fra i cervi a coda bianca dell'Iowa, [i cui risultati sono stati appena pubblicati in forma di "preprint"](#) (vale a dire senza che il manoscritto sia stato ancora sottoposto alla cosiddetta "revisione tra pari", alias "peer review").

Nello specifico, quest'ultimo lavoro ha confermato i dati già emersi dai succitati studi condotti nei mesi precedenti, con particolare riferimento all'elevato grado di suscettibilità nei confronti di SARS-CoV-2 da parte dei cervi a coda bianca che, una volta acquisita l'infezione – con ogni probabilità dall'uomo, leggasi “*spillover uomo-cervo*” -, sarebbero stati capaci di propagarla all'interno della propria specie senza che ciò esitasse, peraltro, nella comparsa di una malattia clinicamente manifesta, eccezion fatta per sporadici casi d'infezione paucisintomatici. I cervi dell'Iowa, inoltre, sarebbero risultati sensibili ad alcune “varianti” di SARS-CoV-2 identificate nella nostra specie, quali *in primis* la “B.1.2” e la “B.1.311”.

Diversamente da quanto osservato poco più di un anno fa negli allevamenti intensivi di visoni dei Paesi Bassi e della Danimarca (ove lo “*stamping out*” di massa ha comportato l'abbattimento di ben 17 milioni di esemplari!), non è stato sinora documentato alcun caso di trasmissione di SARS-CoV-2 dai cervi a coda bianca all'uomo (leggasi “*spillback cervo-uomo*”). Ciononostante, quello dei visoni olandesi e danesi, che avrebbero “restituito” in forma mutata all'uomo una variante di SARS-CoV-2 (“*cluster 5*”) selezionatasi nel loro organismo a seguito della pregressa trasmissione del virus agli stessi da parte dell'uomo, costituisce a mio avviso un precedente degno della massima attenzione, come sottolineo peraltro in una mia [“Letter to the Editor” appena pubblicata sulla prestigiosa Rivista Veterinary Record.](#)

E' oramai assodato, infatti, che SARS-CoV-2 è un agente patogeno dotato di notevole “plasticità”, come eloquentemente testimoniano le numerosissime varianti virali (“*variants of concern*” e “*variants of interest*”) comparse e circolanti in ogni angolo del Pianeta. Queste ultime sono il frutto, a loro volta, dei cicli replicativi che il virus compie all'interno sia delle nostre cellule sia di quelle delle numerose specie animali domestiche e selvatiche che a SARS-CoV-2 risultano

sensibili. Il genoma di SARS-CoV-2 consta di circa 30.000 nucleotidi e si stima che, ad ogni replicazione coinvolgente 10.000 delle succitate basi azotate, possa corrispondere la comparsa di una mutazione genetica. Ovviamente esistono varie tipologie di mutazione e, senza entrare troppo nei "tecnicismi", solo un ridotto numero di esse permetterà al virus di acquisire "nuove" caratteristiche fenotipiche (alias la cosiddetta "*gain of function*"), quali ad esempio una più spiccata virulenza e/o un'accresciuta capacità di diffusione/trasmissione interumana e di colonizzazione delle nostre cellule, se non addirittura di elusione della risposta immunitaria indotta dall'infezione o dalla vaccinazione, caratteristiche che la ben nota variante "*delta*" sembra riacapitolare in maniera quantomai efficace al proprio interno.

Come se tutto ciò non bastasse, un caso d'infezione sostenuta dalla variante "alfa" di SARS-CoV-2, precedentemente nota come variante "*inglese*", è stato accertato alcuni mesi fa in Piemonte in un gatto i cui proprietari erano risultati affetti da CoViD-19, mentre un altro studio appena pubblicato su *Veterinary Record* descrive ancora una volta la presenza della variante alfa in due gatti ed in un cane con sospetta miocardite in Francia, i cui proprietari avevano manifestato nelle settimane antecedenti sintomi respiratori da CoViD-19.

Come affrontare tutto ciò? La risposta è una ed una sola: mediante un approccio "olistico" e multidisciplinare, mirabilmente riassunto dall'espressione "*One Health*", la "salute unica" di uomo, animali ed ambiente, che appare ulteriormente enfatizzata dalla presunta origine di SARS-CoV-2 dal mondo animale, al pari di quanto avvenuto per i suoi "illustri predecessori" rappresentati dai betacoronavirus della SARS e della MERS (rispettivamente nel 2002-2003 e nel 2012) e, nondimeno, per gli agenti responsabili delle cosiddette "malattie infettive emergenti", che in almeno il 70% dei casi trarrebbero la propria origine – dimostrata o quantomeno sospetta – da uno o più "serbatoi" animali.

A dispetto di quanto sopra, spiega constatare che nel "Comitato Tecnico-Scientifico", popolarmente noto con l'acronimo CTS, non siede ancora un solo Medico Veterinario, a distanza dei quasi due anni oramai trascorsi dalla sua istituzione!

Giovanni Di Guardo

Gia' Professore di Patologia Generale e
Fisiopatologia Veterinaria
all'Universita' di Teramo

Di Guardo: "I vaccini, una vera e propria manna per il mondo intero!"



Sono un veterinario che per quasi 20 anni ha insegnato patologia generale e fisiopatologia veterinaria all'Università di Teramo e, mantenendo fede all'identità culturale appannaggio della categoria professionale cui mi vanto e mi onoro di appartenere, mi preme sottolineare che la ragion storica all'origine delle Facoltà di Medicina Veterinaria nel Vecchio Continente, nate dapprima in Francia ed in Italia a partire dalla seconda metà del XVIII secolo, si deve alla peste bovina.

Questa malattia, sostenuta da un virus imparentato con quello del morbillo e che illo tempore era causa di gravissime perdite fra le mandrie di mezza Europa, è stata dichiarata

ufficialmente eradicata a livello globale nel 2011 – a distanza di 250 anni esatti dall'istituzione della prima Facoltà di Medicina Veterinaria, fondata nel 1761 a Lione – grazie alle campagne di vaccinazione effettuate sulla popolazione bovina.

Analoga sorte è toccata al vaiolo, anch'esso debellato su scala planetaria nel 1980 grazie alle vaccinazioni di massa della popolazione umana.

Ai giorni nostri il “nemico pubblico” da combattere si chiama SARS-CoV-2, il betacoronavirus che ha sinora mietuto oltre 5 milioni di vittime nel mondo! Gli efficaci vaccini di cui disponiamo a distanza di un solo anno dall'identificazione del virus – quasi un miracolo (!) – costituiscono, come è ben noto, una formidabile arma nel contrasto alla diffusione di SARS-CoV-2, con particolare riferimento alle forme gravi e ad esito letale di CoViD-19.

Di contro, la mancata vaccinazione di ampie fette di popolazione, oltre a “mettere le ali” al virus (come sta avvenendo in diversi Paesi dell'est Europa), si traduce di fatto in un accresciuto rischio di comparsa di nuove varianti, non di rado più contagiose e/o patogene rispetto a quelle circolanti, come chiaramente testimoniato dalle varianti delta, delta plus, lambda e mu, di gran lunga prevalenti e dominanti la scena epidemiologica in molti Paesi se non addirittura in interi Continenti.

In un siffatto contesto, non andrebbe parimenti tralasciato il ruolo che gli animali potrebbero giocare nell'insorgenza di nuove varianti virali. Se da un lato, infatti, il range delle specie suscettibili nei confronti dell'infezione naturale e/o sperimentale da SARS-CoV-2 appare in progressiva espansione, come recentemente documentato dai “cervi a coda bianca” (*Odocoileus virginianus*) nella regione nord-orientale degli Stati Uniti d'America, l'emblematico “precedente” rappresentato dagli allevamenti intensivi di visoni nei Paesi

Bassi e in Danimarca (ove ben 17 milioni di questi animali sono stati abbattuti!) dovrebbe essere adeguatamente enfatizzato: nei visoni allevati in questi due Paesi è stata accertata già nel 2020, infatti, la presenza di una nuova variante di SARS-CoV-2, denominata “cluster 5” e contraddistinta dalla mutazione Y453F a livello della glicoproteina “spike” (S), che si sarebbe “selezionata” a seguito della pregressa acquisizione del virus umano da parte dei visoni, che gli stessi avrebbero quindi “restituito” all'uomo.

Repetita iuvant e, cosa non meno importante, Historia magistra vitae!

Giovanni Di Guardo

Gia' Professore di Patologia Generale e
Fisiopatologia Veterinaria
all'Universita' di Teramo

Webinar

Antimicrobicoresistenza –

L'approccio ONE HEALTH al

tempo della pandemia da

COVID-19



In occasione delle giornata europea degli antibiotici il Ministero della Salute, in collaborazione con l'IZS Lazio e Toscana, sede del Centro di Referenza Nazionale per l'Antibioticoresistenza, organizzano due giorni di lavori su l'Antimicrobicoresistenza, uno dei fenomeni sanitari più importanti a livello mondiale.

Il 18 e 19 novembre 2021 sarà illustrato lo stato del problema a livello umano, veterinario e ambientale e saranno focalizzate le modalità per un uso prudente degli antibiotici.

L'evento, gratuito, è rivolto tutte le figure professionali del mondo della sanità, per un numero massimo di 200;

Le Iscrizioni vanno fatte entro il 15 novembre tramite Portale della Formazione dell'IZS Lazio e Toscana
– <https://formazione.izslt.it>

[Programma preliminare](#)

CoViD-19, serve un approccio olistico!



In qualità di patologo veterinario nonché di professore universitario – attualmente in pensione – che ha dedicato 30 anni della propria vita professionale allo studio delle malattie infettive negli animali domestici e selvatici, posso tranquillamente affermare che

SARS-CoV-2, il famigerato betacoronavirus responsabile della Covid-19, mi spaventa e mi affascina al contempo.

Questa duplice sensazione mi deriva dalla straordinaria “plasticità” di un virus che, pur avendo di fronte a se’ una platea di 8 miliardi di esseri umani potenzialmente in grado di sviluppare l’infezione (400 milioni e piu’ dei quali l’avrebbero effettivamente contratta!), si e’ rivelato capace di disegnare traiettorie che lo hanno portato ad infettare, in natura, una folta gamma di specie animali domestiche e selvatiche, tutte accomunate fra loro dal fatto che avrebbero acquisito il virus dall’uomo.

In un siffatto contesto, la suscettibilità di alcune specie a determinate varianti di SARS-CoV-2 circolanti nella popolazione umana – come segnalato nel gatto, nel cane e nei cervi a coda bianca per la variante “alfa” nonché, assai di recente, in numerosi criceti “d’affezione” a Hong Kong per la variante “delta” – o, peggio ancora, la documentata comparsa di certe varianti in grado di ri-trasmettersi all’uomo, come nel caso di quella denominata “cluster 5”, che oltre un anno fa e’ comparsa negli allevamenti di visoni olandesi e danesi, costituiscono fatti degni della massima attenzione.

La “One Health”, alias la salute unica di uomo, animali ed ambiente, rappresenta pertanto la chiave di volta, necessaria ed imprescindibile al contempo, per gestire al meglio questa così come tutte le pandemie che il genere umano si troverà ad affrontare in futuro.

Giovanni Di Guardo

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

Usda conferma la positività di alcuni cervi a SARS-CoV-2



Il 27 agosto 2021 i National Veterinary Services Laboratories (NVSL) del Dipartimento dell'Agricoltura degli Stati Uniti (USDA) hanno confermato il rilevamento di SARS-CoV-2 in alcuni cervi selvatici dalla coda bianca in Ohio.

Si tratta del primo caso di confermato in tutto il mondo. Studi precedenti avevano dimostrato che i cervi possono essere infettati sperimentalmente dal virus e che [alcuni cervi selvatici avevano anticorpi](#) contro il virus.

[Il comunicato integrale, in inglese, sul sito USA](#)

Preparazione e risposta alle

pandemie influenzali: la rete di Epidemic Intelligence Nazionale



L'accordo sancito in Conferenza permanente per i rapporti tra lo Stato, le Regioni e le Province autonome di Trento e Bolzano, il 25 gennaio 2021 sul «[Piano strategico-operativo nazionale di preparazione e risposta a una pandemia influenzale \(PanFlu\) 2021 – 2023](#)» prevede di

disporre di un sistema di *Epidemic Intelligence* Nazionale ossia un sistema che – comprendono tutte le attività volte all'identificazione precoce di rischi in sanità pubblica, la loro validazione, valutazione e indagine – consenta la rapida rilevazione e analisi di informazioni in base alle quali avviare indagini epidemiologiche e azioni di controllo sul territorio per identificare precocemente e monitorare eventi che possano costituire una emergenza internazionale di sanità pubblica.

L'epidemic intelligence combina la sorveglianza basata su eventi e quella basata su indicatori. In Italia il Network Italiano di Epidemic Intelligence, finanziato nell'ambito di una azione centrale

del Centro nazionale per la prevenzione e il controllo delle malattie (CCM) costituisce un esempio di questa attività.

Con Decreto Direttoriale del 1° giugno 2021 è stata istituita la Rete di Epidemic Intelligence Nazionale (Rete), composta da analisti formati e certificati dall'Istituto Superiore di Sanità e dal ministero della Salute, designati dai rappresentanti dei servizi sanitari pubblici (Ministero, Iss,

Regioni/Pa, Asl, Irccts, ecc.) sul territorio nazionale.

Il Ministero della salute ha diramato una [Circolare](#) per fornire indicazioni operative per l'implementazione della sorveglianza basata su eventi a livello nazionale.