

Covid, troppe vittime e poco tracciamento



Nonostante l'indice R_t in discesa, il numero dei decessi da/con Covid-19 continua a rimanere ancora troppo elevato, a dispetto delle 8 settimane già trascorse da quando il *trend* dei contagi ha iniziato a invertire la rotta.

“Sebbene il numero delle morti sia l'ultimo parametro destinato a subire una flessione, penso che dovremmo oramai assistere a una riduzione dei decessi ben più marcata di quella attualmente rilevata” afferma Giovanni Di Guardo, già Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso la Facoltà di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Teramo, in una [lettera pubblicata da Il Fatto Quotidiano](#) con la quale il Professore indaga le possibili cause, rintracciabili anche nell'interpretazione dei numeri.

Capua: “Ecco cosa serve per vaccino universale”



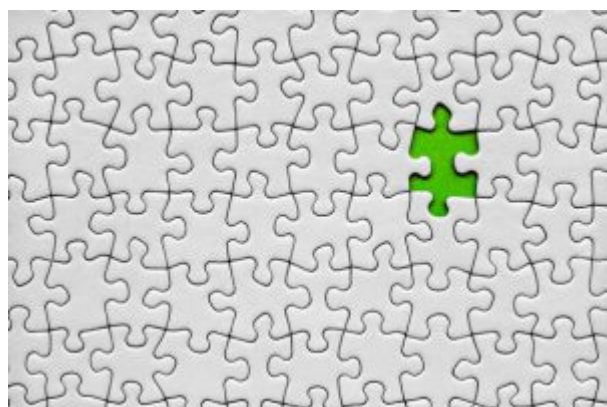
“L’attuale campagna di vaccinazione contro Sars-CoV-2 presenta molte sfide, una delle quali è il mantenimento della catena del freddo per la distribuzione e lo stoccaggio dei vaccini disponibili che vanno conservati a temperature che oggi non permettono una

consegna a domicilio o, idealmente, auto-somministrati. Quindi per arrivare al vaccino universale, chiesto da molti Paesi, è necessario sviluppare la termostabilità dei vaccini anti-Covid”. Lo sottolinea la virologa Ilaria Capua, direttrice dell’One Health Center of Excellence dell’università della Florida, [in una lettera pubblicata su ‘Lancet’](#).

Capua analizza i motivi che hanno rallentato lo sviluppo di vaccini termostabili. “I paesi ad alto reddito non erano realmente interessati e impegnati nello sviluppo di vaccini termostabili, perché non ci si aspettava che questa caratteristica diventasse un ostacolo così importante durante una pandemia. La domanda reale per avere vaccini termostabili, sia in veterinaria che in medicina umana, proviene dai paesi a basso e medio reddito e, sebbene supportata anche dalle organizzazioni internazionali, non è mai stata considerata una priorità tale da diventare una delle caratteristiche ricercate da chi sviluppa i vaccini, dall’industria agli enti di finanziamento”.

“Forse investire nei bisogni globali, che includono le necessità delle persone più povere, avrebbe giovato all’intera umanità nell’affrontare la pandemia Covid-19. Ora è il momento di ridefinire le priorità dei urgenti nello sviluppo dei vaccini che sono essenziali per sfruttare appieno il potere delle campagne di immunizzazione in diverse circostanze da quelle epidemiologiche, geografiche e logistiche” conclude Capua

No veterinarians (yet) on the Italian covid-19 scientific committee



E' stata pubblicata sulla prestigiosa rivista British Medical Journal (BMJ) la *Letter to the Editor* di Giovanni Di Guardo – già docente di Patologia generale e Fisiopatologia veterinaria nell'Università di Teramo – “[No](#)

[veterinarians \(yet\) on the Italian covid-19 scientific committee](#)”, che prende spunto dall'articolo “[Covid-19: Failures of leadership, national and global](#)”, pubblicato a giugno sulla rivista stessa.

Nonostante a marzo 2021 vi sia stata una modifica nella composizione, ancora oggi non è presente nel Comitato Tecnico-Scientifico (CTS) – organo al quale competono la consulenza e il supporto alle attività di coordinamento per il superamento dell'emergenza epidemica dovuta alla diffusione di SARS-CoV-2 – un medico veterinario.

Di Guardo sottolinea nuovamente come questa assenza sia un grosso errore, per diverse ragioni: anche se l'origine del coronavirus SARS-CoV-2 è ancora dibattuta, i suoi “predecessori” SARS-CoV e MERS-CoV hanno una comprovata origine animale; inoltre almeno il 70% per cento delle cosiddette “malattie infettive emergenti” ha un'origine animale, accertata o sospetta.

La drammatica pandemia da SARS-CoV-2 ci ha inequivocabilmente insegnato, ancora una volta – ribadisce Di Guardo – che la salute umana, animale e ambientale sono collegate tra loro, un concetto chiaramente esemplificato dal principio “One Health”. In quest’ottica la mancata presenza di un veterinario nel CTS risulta difficilmente comprensibile.

Covid, i contagi calano, ma occhio agli animali



Seppur in un contesto di riduzione della circolazione del virus SARS-CoV-2, vale la pena chiedersi quali “traiettorie” caratterizzeranno, nei mesi a venire, il lungo viaggio del virus la cui culla d’origine s’identificherebbe, con ogni probabilità, in un serbatoio

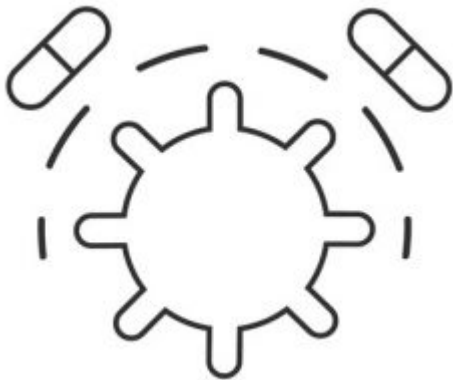
animale “primario” (pipistrelli del genere *Rinolophus*) e, forse, anche in uno “secondario” (non ancora identificato a tutt’oggi).

In particolare, se è vero che la tanto agognata “immunità di gregge” inibirà in modo significativo la capacità di acquisire ulteriori mutazioni da parte del virus, tale fenomeno andrà opportunamente valutato anche negli animali, con particolare riferimento alle diverse specie di mammiferi domestici e selvatici già dimostratesi sensibili nei riguardi

dell'infezione. Prima fra tutte il visone.

Lettera di Giovanni Di Guardo, già Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso la Facoltà di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Teramo, [pubblicata da Il Fatto Quotidiano](#).

Di Guardo: usiamo troppi antibiotici, ci saranno conseguenze



Secondo un recente rapporto dell'OMS, nonostante il 15% dei pazienti con forme lievi o medio-gravi di Covid-19 necessiti della loro somministrazione, gli antibiotici sarebbero stati assunti dai tre quarti di essi, andando inevitabilmente ad

alimentare l'antibiotico resistenza.

Ne parla, in un [lettera pubblicata da Il Corriere della Sera](#), il Prof. Giovanni Di Guardo, già Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso la Facoltà di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Teramo.

Andando avanti di questo passo, è probabile che buona parte, se non addirittura l'intero arsenale dei farmaci attualmente disponibili per combattere le infezioni batteriche, annovererà al proprio interno, di qui a breve, solo armi spuntate!

Afferma Di Guardo.

Covid e varianti: i pericoli per l'uomo e gli animali



Nell'ottica dell'approccio "One Health" sarebbe molto importante, in tema di varianti di SARS-CoV-2, analizzare non solo le "variants of concern" (VOC) di SARS-CoV-2 capaci di infettare l'uomo, ma anche le dinamiche d'interazione di ciascuna di esse con le diverse

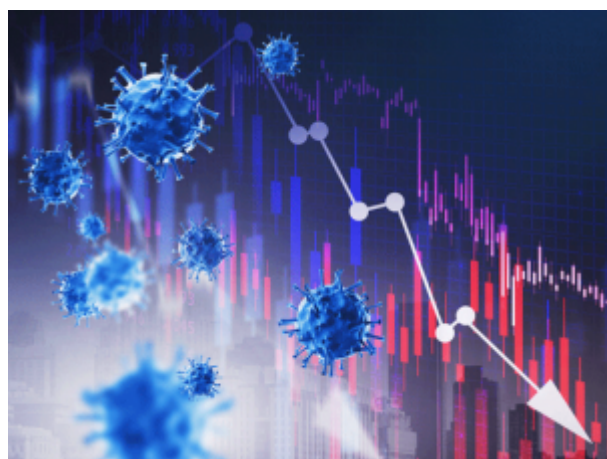
specie animali domestiche e selvatiche.

Ciò al fine di caratterizzarne i rispettivi gradi di suscettibilità (o di resistenza) nei confronti del virus e, cosa ancor più rilevante, l'eventuale capacità da parte delle varianti di consentire lo sviluppo e la conseguente propagazione di ulteriori nuove "VOC" di SARS-CoV-2, come accaduto negli allevamenti di visoni olandesi e danesi dove questi animali avrebbero acquisito l'infezione dall'uomo (leggasi allevatori di visoni), dando luogo a una serie di eventi mutazionali a seguito dei quali si sarebbe selezionata la variante denominata "cluster 5" e contraddistinta dalla mutazione Y453F, che il visone avrebbe di lì a breve "restituito" all'uomo: un chiaro esempio di "spillover" versus "spillback", cioè di "zoonosi inversa" o "antropozoonosi" versus "zoonosi".

Ne ha scritto il Prof. Giovanni Di Guardo, già Professore di

Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso la Facoltà di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Teramo, in un [articolo per saperescienza.it](https://www.saperescienza.it)

CoViD-19, numeri, considerazioni e previsioni



Giovanni Di Guardo, in un [articolo pubblicato su La Citta del 6 maggio](#) ci offre alcuni spunti di riflessione sulla necessità di interpretare opportunamente i numeri della pandemia in corso per comprendere la reale dimensione e portata dell'infezione da

SARS-CoV-2 in Italia, con particolare riferimento al numero dei decessi da/per/con CoViD-19 che continua a permanere “inspiegabilmente” troppo elevato a fronte della riduzione della trasmissione/diffusione del virus confermata dalla diminuzione dei ricoveri ospedalieri per CoViD-19 e in particolare nelle “unità di terapia intensiva”.

Un altro aspetto da tenere in considerazione che il Professore offre da Medico Veterinario che fa del principio/concetto della “One Health” il proprio vessillo culturale e identitario, riguarda l'evoluzione della pandemia da SARS-CoV-2 o, per meglio dire, le “traiettorie” future che potrebbero caratterizzare il lungo viaggio del virus che con

ogni probabilità ha tratto la propria origine – al pari dei suoi due “predecessori” SARS-CoV e MERS-CoV – da un “primario serbatoio animale” (pipistrelli del genere *Rinolophus*) e, forse, anche da uno “secondario” (a tutt’oggi non ancora identificato).

“La comprovata attitudine di SARS-CoV-2 nei confronti di quel fenomeno che va sotto il nome di “ricombinazione genetica” andra’ opportunamente valutata anche negli animali, con particolare riferimento alle diverse specie di mammiferi domestici e selvatici già’ rivelatesi suscettibili nei riguardi dell’infezione. Su queste spicca in particolar modo il visone, l’unica specie dimostratasi in grado, a tutt’oggi, di acquisire naturalmente l’infezione da noi umani e di “restituirci” il virus in forma mutata (“cluster 5”)”
sottolinea Di Guardo.

CoViD-19, influenza e morbillo, una salvifica alleanza fra vaccini



A pochi giorni dall’avvio della campagna vaccinale in Italia, che dovrebbe auspicabilmente portare all’immunità di gregge nei confronti di SARS-CoV-2 entro al fine del 2021, il Prof. Giovanni Di Guardo, Docente di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria

presso la Facoltà di Medicina Veterinaria dell'Università di Teramo, con [una lettera al Direttore pubblicata su Quotidiano Sanità](#), invita a riflettere sulla contestuale importanza della vaccinazione anti-influenzale “di massa” e dei grandi benefici conferiti dalla vaccinazione di massa nei confronti del morbillo.

Recentemente sulle pagine della prestigiosa Rivista Science, è stato descritto il meccanismo patogenetico attraverso il quale il virus del morbillo sarebbe capace d'indurre una singolare condizione di “amnesia immunitaria” nei pazienti infetti. Ciò equivale a dire che il sistema immunitario di un individuo che dovesse sviluppare il morbillo “si dimenticherà”, per così dire, di tutti gli agenti biologici, virali e non, che quello stesso soggetto dovesse avere “incontrato” in precedenza a seguito di un'infezione naturale, così come pure a seguito di una vaccinazione.

Conclude Di Guardo

“Proviamo ad immaginare, per un solo istante, quale “catastrofe” potrebbe avere origine dal “ritorno” del morbillo in un contesto d'immunità di gregge già acquisita dalla popolazione generale nei confronti della CoViD-19, ragion per cui mai e poi mai dismettere, senza la benché minima esitazione, le campagne di vaccinazione di massa nei confronti del virus del morbillo!”

One Health EJP Summer School

2021. Environmental Issues in One Health: from risk assessment to surveillance



Si chiuderanno il 31 maggio 2021 le candidature per partecipare, gratuitamente, alla One Health EJP Summer School 2021, che si svolgerà in modalità virtuale dal 26 luglio al 6 agosto 2021.

L'ambiente è un pilastro di One Health e le questioni ambientali devono essere illustrate e discusse nei loro aspetti sfaccettati: valutazione dei rischi, ruolo dei fattori legati all'ecosistema, ruolo dei fattori prodotti dall'uomo, l'azienda agricola come modificatore ambientale e la questione della sostenibilità.

Pertanto, questa Summer School sarà suddivisa in 4 moduli:

Modulo 1: salute planetaria, la valutazione del rischio ambientale, cambiamenti climatici, zoonosi e la resistenza antimicrobica nell'ambiente naturale, uso della genomica nella sorveglianza, fauna selvatica, mangimi, la sostenibilità sanitaria e l'epidemiologia.

Modulo 2: workshop a cura della FAO su One Health, sostenibilità e sicurezza alimentare

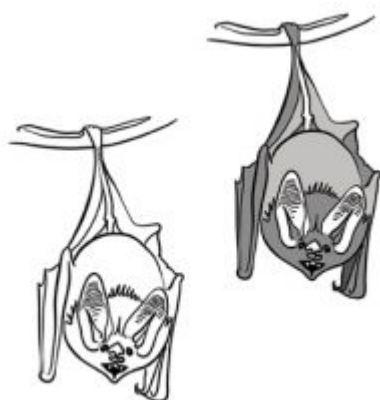
Modulo 3: due workshop a cura degli Istituti Zooprofilattici Sperimentali italiani e dell'Istituto Superiore di Sanità dei nostri partner in Italia su due diversi casi di studio: Una

sorveglianza sanitaria dell'antimicrobicoresistenza e Un approccio multidisciplinare one health all'inquinamento ambientale.

Modulo 4: analisi integrata dei rischi, governance one health e comprensione della scienza per la società.

Tutte le informazioni sono disponibili [qui](#)

SARS-CoV-2. Virus “parenti” nei pipistrelli in Giappone e Cambogia



Trovati “parenti stretti” del virus Sars-CoV-2 in due laboratori fuori dalla Cina. Un gruppo di ricercatori ha [riferito alla rivista Nature](#) di aver trovato un coronavirus strettamente correlato a SARS-CoV-2 nei pipistrelli a ferro di cavallo conservati in un

congelatore in Cambogia. Nel frattempo, un team in Giappone ha segnalato la scoperta di un altro coronavirus strettamente correlato, trovato negli escrementi di pipistrello congelati. I virus sono i primi parenti noti di SARS-CoV-2 a essere trovati al di fuori della Cina e confermano quanto concluso dall'Organizzazione mondiale della sanità e cioè che la pandemia ha origini animali.

Ci sono evidenze forti che suggeriscono che SARS-CoV-2 abbia avuto origine nei pipistrelli a ferro di cavallo, ma rimane un

mistero se sia passato direttamente dai pipistrelli alle persone o attraverso un ospite intermedio.

Il virus in Cambogia è stato trovato in due pipistrelli a ferro di cavallo di Shamel (*Rhinolophus shameli*) catturati nel Nord del paese nel 2010. Il genoma del virus non è stato ancora completamente sequenziato – né la sua scoperta è stata pubblicata – rendendo difficile accertare il pieno significato della sua esistenza per la pandemia.

Se il virus è strettamente correlato a quello pandemico o addirittura a un suo antenato, potrebbe fornire informazioni cruciali su come SARS-CoV-2 è passato dai pipistrelli alle persone e confermare ulteriormente che l'origine della pandemia è animale, afferma Veasna Duong, un virologo presso l'Istituto Pasteur in Cambogia a Phnom Penh, che ha guidato la ricerca sui vecchi campioni in Cambogia e che ha allertato Nature della sua scoperta all'inizio di novembre. Per fornire queste informazioni, il virus dovrebbe condividere più del 97 per cento del suo genoma con SARS-CoV-2, diventando così il parente più stretto conosciuto.

Ma il nuovo virus potrebbe essere anche più distante e in questo caso studiarlo aiuterà gli scienziati a saperne di più sulla diversità in questa famiglia di virus, secondo Etienne Simon-Loriere, virologo presso l'Istituto Pasteur di Parigi, che prevede di sequenziare il virus e poi pubblicare i risultati.

L'altro virus si chiama Rc-o319 ed è stato identificato in un piccolo pipistrello giapponese a ferro di cavallo (*Rhinolophus cornutus*) catturato nel 2013.

Questo virus condivide l'81 per cento del suo genoma con SARS-CoV-2, il che rende un parente meno stretto e che quindi può dirci poco sull'origine della pandemia, secondo Edward Holmes, virologo dell'Università di Sydney in Australia. "Indipendentemente da ciò che ha trovato il team cambogiano,

entrambe le scoperte sono entusiasmanti perché confermano che i virus strettamente correlati a SARS-CoV-2 sono relativamente comuni nei pipistrelli Rhinolophus e persino nei pipistrelli trovati fuori dalla Cina", scrive Nature citando Alice Latinne, biologa evolutiva del Wildlife. *"Questo è quello che stavamo cercando e l'abbiamo trovato",* dice Duong.

"È stato emozionante e sorprendente allo stesso tempo", aggiunge. I risultati suggeriscono anche che altri parenti di SARS-CoV-2 non ancora scoperti potrebbero essere conservati nei congelatori di qualche laboratorio, afferma Aaron Irving, un ricercatore di malattie infettive presso l'Università di Zhejiang a Hangzhou, in Cina, che ha in programma di testare campioni conservati di pipistrelli e altri mammiferi per gli anticorpi contro SARS-CoV-2.

"Non mi aspettavo di trovare un parente di SARS-CoV-2", dice il virologo Shin Murakami presso l'Università di Tokyo, che faceva parte del team che ha deciso di riesaminare i campioni di animali congelati. Solo una manciata di coronavirus noti sono strettamente correlati a SARS-CoV-2, incluso il suo parente più vicino noto, RaTG13. Questo è stato scoperto in pipistrelli a ferro di cavallo intermedi (*Rhinolophus affinis*) nella provincia cinese dello Yunnan nel 2013. Ci sono anche molti altri coronavirus, trovati in altri pipistrelli e pangolini catturati tra il 2015 e il 2019, che gli scienziati ora sanno essere strettamente correlati a SARS-CoV-2.

"SARS-CoV-2 probabilmente non era un virus nuovo di zecca che è apparso all'improvviso. I virus in questo gruppo esistevano prima che ne venissimo a conoscenza nel 2019", afferma Tracey Goldstein, direttore associato del One Health Institute presso l'Università della California, Davis, che ha collaborato con il team cambogiano. Latinne afferma che le scoperte confermano che i pipistrelli *Rhinolophus* sono il serbatoio di questi virus. Il team di Duong ha catturato i pipistrelli a ferro di cavallo di Shamel in Cambogia come parte del progetto PREDICT finanziato dal governo degli Stati Uniti, che per decenni ha

esaminato la fauna selvatica in tutto il mondo alla ricerca di virus con potenziale pandemico e si è concluso all'inizio di quest'anno.

Ad aprile, l'Agenzia statunitense per lo sviluppo internazionale ha assegnato al programma ulteriori 3 milioni di dollari e un'estensione di 6 mesi per cercare prove di SARS-CoV-2 in campioni animali – principalmente pipistrelli, pangolini e altri animali – conservati in congelatori da laboratorio in Laos, Malesia, Nepal, Thailandia, Vietnam e Cambogia. Un rapporto completo di queste indagini è previsto nelle prossime settimane.

Duong afferma che il sequenziamento preliminare del genoma di un breve frammento del nuovo virus pipistrello – lungo 324 paia di basi – ha mostrato che era simile in una particolare regione di SARS-CoV-2 e RaTG-13, suggerendo che i tre sono strettamente correlati. Quella regione è altamente conservata nei coronavirus, dice Latinne, e viene spesso utilizzata per identificare rapidamente se un virus è nuovo o noto. Ma non è ancora chiaro se RaTG-13 o il nuovo virus sia più strettamente correlato a SARS-CoV-2. È difficile dirlo con un frammento così piccolo, dice Vibol Hul, virologo anche presso l'Istituto Pasteur in Cambogia, che ha catturato i pipistrelli a ferro di cavallo di Shamel all'ingresso di una grotta nel 2010. In un'analisi separata, il team della Cambogia ha sequenziato circa il 70 per cento del genoma del nuovo virus. Da quella sequenza mancavano le istruzioni per le parti cruciali del virus, come i geni che codificano la proteina spike che i coronavirus usano tipicamente per entrare nelle cellule. Il sequenziamento di quella sezione indicherà se questo virus può infettare le cellule umane, afferma Duong.

Il nuovo virus dovrebbe essere almeno per il 99 per cento simile a SARS-CoV-2 per essere considerato un antenato immediato dell'attuale virus pandemico, afferma Irving. I genomi di RaTG13 e SARS-CoV-2 differiscono solo del 4 per cento, ma questa divergenza rappresenta tra i 40 ei 70 anni di

evoluzione poiché condividevano un antenato comune. Anche se a distanza di decenni, i virus sono abbastanza simili da utilizzare lo stesso recettore per entrare nelle cellule. Gli studi sulle cellule suggeriscono che RaTG13 potrebbe infettare le persone. Tra i coronavirus noti relativi alla SARS-CoV-2, l'Rc-o319 appena scoperto sembra essere il più distante, dice Duong. Negli studi sulle cellule, il team giapponese ha scoperto che il virus non può legarsi al recettore che SARS-CoV-2 utilizza per entrare nelle cellule umane, suggerendo che non potrebbe infettare facilmente le persone.

Shin afferma che i suoi colleghi hanno catturato più pipistrelli in Giappone all'inizio di quest'anno e hanno in programma di testarli per i coronavirus. E in ottobre, Hul è tornato nella grotta nel Nord della Cambogia per catturare altri pipistrelli. Probabilmente esistono più coronavirus correlati a SARS-CoV-2 nelle popolazioni di pipistrelli *Rhinolophus*, che vivono in tutta la regione, afferma Holmes. *"Si spera che uno o più di questi siano così strettamente correlati a SARS-CoV-2 che possiamo considerarlo il vero antenato"*, conclude.