

Circa il 9% della superficie terrestre è ad elevato rischio di focolai zoonotici



Durante la pandemia da **Covid-19** abbiamo imparato a familiarizzare con il concetto di “**zoonosi**”, malattie che possono essere trasmesse dagli animali agli esseri umani attraverso il famoso “**salto di specie**”. Un fenomeno che ha molto a che fare con il

cambiamento climatico e con le attività antropiche, che in modi diversi favoriscono il contatto fra specie selvatiche e specie domestiche o da allevamento, e quindi con l'essere umano. Nel corso di uno [studio](#) pubblicato su *Science Advances*, un gruppo di ricercatrici e ricercatori ha analizzato l'influenza che fattori climatici, ambientali e relativi alla densità di popolazione hanno avuto in passato sullo sviluppo di focolai zoonotici a livello globale.

In particolare, il team di ricerca ha preso in esame le malattie inserite dall'Oms (Organizzazione Mondiale della Sanità) nella “list of priority diseases”, poiché considerate dagli esperti come un potenziale rischio per la salute pubblica a causa della loro contagiosità o dell'assenza di vaccini e altre misure per contrastarne la diffusione. Dai risultati è emerso che **circa il 9,3% della superficie terrestre presenta un rischio alto (6,3%) o molto alto (3%) di focolai zoonotici**, che interessa soprattutto l'America Latina e l'Oceania.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: [repubblica.it](#)

West Nile, l'ennesimo esempio di una narrazione omissiva e di parte



Da patologo veterinario oltre che da docente universitario che ha dedicato 35 anni della propria vita professionale allo studio delle malattie infettive, con particolare riferimento a quelle trasmissibili dagli animali all'uomo – alias zoonosi -, sono stato molto colpito

dalla narrazione mediatica che si sta svolgendo in questi giorni a seguito del decesso, in provincia di Latina, di una donna ultraottantenne affetta da “West Nile”. Stiamo parlando di una malattia sostenuta da un flavivirus neurotrope trasmesso principalmente da zanzare del genere *Culex*, la cui sempre più diffusa presenza a latitudini via via più settentrionali rappresenterebbe una diretta conseguenza del riscaldamento globale. E' bene chiarire, al riguardo, che le zanzare virus-infette costituirebbero una piccolissima frazione di quelle presenti nell'ambiente (1 su circa 30.000) ed è pure bene precisare che la West Nile è una zoonosi, il cui agente causale può anche essere trasmesso sia per via materno-fetale sia con il latte materno. E' bene sottolineare, infine, che il virus della West Nile, caratterizzato dal più ampio spettro d'ospite finora descritto in natura, sarebbe capace d'infettare centinaia di vertebrati domestici e selvatici, ivi compresi mammiferi, uccelli, rettili ed anfibi.

A fronte di tutto ciò e come già avvenuto per la pandemia da

CoViD-19, la narrazione mediatica della West Nile e' stata ancora una volta affidata ai medici, senza il benché minimo coinvolgimento dei colleghi veterinari e, nondimeno, per buona pace della "One Health", la salute unica di uomo, animali ed ambiente.

Errare humanum est perseverare autem diabolicum!

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

Influenza aviaria: l'EFSA analizza la situazione negli USA e individua le possibili vie di diffusione in Europa



La migrazione stagionale degli uccelli selvatici e l'importazione di alcuni prodotti statunitensi, come quelli contenenti latte crudo, potrebbero costituire potenziali vie di introduzione in Europa del genotipo dell'influenza

aviaria ad alta patogenicità (HPAI) che attualmente colpisce le vacche da latte statunitensi, secondo un nuovo rapporto

pubblicato dall'EFSA. Finora questo tipo di virus non è stato segnalato in nessun altro Paese oltre agli Stati Uniti.

Gli scienziati dell'EFSA sottolineano che i principali punti di sosta in Europa dove si concentrano grandi popolazioni di uccelli come l'Islanda, la Gran Bretagna, l'Irlanda, la Scandinavia occidentale e le grandi zone umide come il Mare dei Wadden sulle coste olandesi, danesi e tedesche, sarebbero luoghi utili per l'individuazione precoce del virus durante la migrazione stagionale degli uccelli selvatici.

Il rapporto affronta anche la possibilità che il virus venga introdotto in Europa attraverso scambi commerciali, concludendo che l'importazione di prodotti a base di latte crudo provenienti dalle zone colpite degli Stati Uniti non può essere completamente esclusa, il che potrebbe quindi costituire una possibile via d'ingresso. Anche l'importazione di vacche da latte e di carne bovina potrebbe essere una potenziale via di introduzione del virus. Tuttavia il virus è stato raramente rilevato nella carne, le importazioni di animali sono molto limitate e sono in vigore norme commerciali molto severe per la carne e gli animali vivi che entrano nell'UE.

Il rapporto dell'EFSA fornisce anche una panoramica della situazione negli Stati Uniti, dove tra marzo 2024 e maggio 2025 sono stati colpiti 981 allevamenti da latte in 16 Stati. Il rapporto, che è stato esaminato dalle autorità statunitensi, sottolinea che i movimenti del bestiame, l'insufficiente biosicurezza e la condivisione di attrezzature agricole hanno contribuito alla diffusione del virus.

Entro la fine dell'anno l'EFSA valuterà il potenziale impatto dell'ingresso di questo genotipo HPAI in Europa e raccomanderà misure per prevenirne la diffusione.

Atti scientifici di riferimento

[Risk posed by the HPAI virus H5N1, Eurasian lineage goose/Guangdong clade 2.3.4.4b. genotype B3.13, currently](#)

Origini del Covid. La zoonosi è l'ipotesi più probabile ma non si esclude l'incidente di laboratorio. Il rapporto dell'Oms



L'Organizzazione Mondiale della Sanità, attraverso il gruppo di esperti SAGO (Scientific Advisory Group for the Origins of Novel Pathogens), ha pubblicato un'attesa relazione indipendente sull'origine del virus SARS-CoV-2. A oltre cinque anni dalla comparsa dei primi casi a Wuhan, in Cina, il report non fornisce ancora una risposta definitiva, ma offre un'analisi

scientifica articolata delle evidenze disponibili, delineando due principali ipotesi in esame e le lacune che ancora impediscono una conclusione certa.

La relazione nasce da un mandato chiaro: comprendere come e dove SARS-CoV-2 sia passato agli esseri umani. È un'esigenza non solo scientifica ma anche etica, volta a prevenire future pandemie. SAGO ha operato in modo indipendente, analizzando migliaia di dati pubblicati e non, documenti governativi e

interviste a esperti. Tuttavia, sottolinea di non aver potuto accedere a dati grezzi cruciali, in particolare da laboratori cinesi.

Le quattro ipotesi valutate

Nel report vengono analizzate quattro ipotesi principali:

- Spillover zoonotico naturale, da un animale selvatico all'uomo, con o senza ospite intermedio.

- Incidente in laboratorio, attraverso esposizione diretta o fallimento delle misure di biosicurezza.

- Trasmissione da catena del freddo, da prodotti animali importati contaminati.

- Manipolazione intenzionale, tramite ingegneria genetica seguita da un rilascio accidentale.

Sulle ipotesi 3 e 4, la relazione è chiara: al momento non ci sono evidenze scientifiche che le supportino. La trasmissione tramite prodotti congelati è ritenuta molto improbabile, mentre la manipolazione intenzionale del virus è giudicata non corroborata da dati genomici o esperimenti noti.

Le ipotesi più plausibili

Le due ipotesi ritenute più solide sul piano scientifico restano:

Spillover zoonotico naturale (ipotesi 1): supportata dalla maggior parte delle evidenze disponibili, anche se non ancora provata in via definitiva. Il virus è geneticamente simile a ceppi rinvenuti in pipistrelli in Cina e Laos (es. BANAL-52 e RaTG13), seppur troppo distanti per essere considerati precursori diretti. Metagenomica e tracciamenti ambientali al mercato Huanan di Wuhan (HSM) hanno confermato la presenza di animali suscettibili al virus (come il cane procione) e tracce genetiche del virus stesso su superfici di bancarelle.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: quotidianosanita.it

Scrapie negli ovini: quando due semplici segni clinici possono migliorarne la diagnosi precoce



Nel panorama delle **malattie neurodegenerative del bestiame**, la **scrapie** rappresenta da tempo una delle principali sfide diagnostiche per medici veterinari e allevatori. In assenza di test *ante mortem* affidabili e facilmente applicabili in campo, la diagnosi clinica resta ad oggi il primo e spesso unico strumento per sospettare una **Encefalopatia Spongiforme Trasmissibile (TSE) negli ovini**. Un nuovo studio pubblicato a maggio 2025 su *Animals* da Konold e Phelan ha analizzato 1002 pecore per valutare l'efficacia di un protocollo clinico rapido, identificando due segni fondamentali per l'**individuazione precoce della malattia**.

Un campione rappresentativo: diagnosi su scala ampia e diversificata

Lo studio ha incluso pecore di diverse razze, età e genotipi

PRNP, esposte naturalmente o infettate sperimentalmente con **scrapie classica**, **scrapie atipica** o **encefalopatia spongiforme bovina** (BSE). Di queste, 312 animali sono risultati positivi a una TSE tramite esame *post mortem* del cervello.

La valutazione clinica si è basata su un protocollo breve che include nove categorie di segni: postura, comportamento, risposta alla minaccia (menace response), risposta al graffio, risposta alla bendatura, perdita di lana e lesioni cutanee, condizione corporea, incoordinazione e tremore.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: Ruminantia

Organoidi di pipistrello: un nuovo modello per studiare i virus zoonotici



Per la prima volta una collezione di organoidi derivati da diverse specie di pipistrello permette di isolare nuovi virus,

studiare le infezioni e testare farmaci in un unico sistema

Dall'influenza spagnola al COVID-19, sono innumerevoli i virus di origine zoonotica, cioè trasmessi agli esseri umani da una specie diversa dalla nostra: in effetti, si stima che il 75% delle malattie emergenti sia zoonotica. E i pipistrelli sono un importante serbatoio di virus che, come hanno dimostrato epidemie passate, a un certo punto “imparano” a infettare anche gli umani, a volte approfittando di un ospite intermedio.

Eppure, della relazione tra questi virus e i pipistrelli, loro ospiti naturali, sappiamo relativamente poco; e questa mancanza di conoscenze è un ostacolo anche, per esempio, alle valutazioni del rischio di nuovi spillover. In questo contesto, gli animali da laboratorio non possono fornirci molte informazioni, per varie ragioni: questi virus non si replicano bene in specie diverse dal pipistrello né, d'altronde, altri animali potrebbero replicare le caratteristiche immunitarie uniche degli unici mammiferi in grado di volare. Infine, i pipistrelli non possono essere allevati in laboratorio. I vincoli sono sia etici sia logistici, perché si tratta di animali notturni, volatori, di lunga vita e con esigenze ambientali specifiche, quindi difficili da mantenere e studiare in modo sistematico.

Come saperne di più, allora, sulla relazione tra i pipistrelli e i molteplici virus che li possono infettare? Come ottenere un modello sperimentale realistico?

Un nuovo studio, da poco [pubblicato su Science](#), mostra quanto preziose possano essere le New Approach Methodologies (NAM), quelle a volte chiamate più genericamente “metodi alternativi”: il nuovo lavoro, guidato dall'Institute for Basic Science (IBS) coreano, ha infatti creato per la prima volta una collezione diversificata di organoidi di pipistrello, derivati da cinque specie (insettivori dell'Asia orientale) e da quattro tipi di tessuti (trachea, polmone,

rene e intestino tenue).

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: research4life.it

West Nile Virus, la sorveglianza integrata One Health è efficace nelle regioni endemiche



Il [virus del Nilo Occidentale](#) (*West Nile Virus*, WNV) e il virus Usutu (USUV) sono **Orthoflavivirus neurotropi trasmessi da zanzare**, mantenuti in un ciclo selvatico in cui gli uccelli rappresentano ospiti amplificatori/serbatoio, mentre

gli esseri umani e gli equidi sono ospiti accidentali a fondo cieco.

Poiché il Nord Italia, in particolare il **Veneto**, è considerata un'area endemica per la circolazione di WNV e USUV, dal 2008 è stato **implementato un piano di sorveglianza** basato su un [approccio One Health](#). In un recente studio condotto dai ricercatori dell'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (IZSVe) e pubblicato sulla rivista [Pathogens](#), i risultati delle sorveglianze entomologica, veterinaria e umana per WNV e USUV in Veneto negli anni 2022 e 2023, riportano che **l'eccezionale circolazione del WNV è dovuta alla**

reintroduzione del WNV lineaggio 1 e alla co-circolazione con il WNV lineaggio 2.

Lo studio è stato condotto in collaborazione con la [Direzione prevenzione, sicurezza alimentare e veterinaria](#) della Regione del Veneto e il [Dipartimento di medicina molecolare](#) dell'Università di Padova. Lo studio conferma l'efficacia della sorveglianza integrata come strumento di allerta precoce per la circolazione virale, e offre **nuove informazioni sugli ospiti aviari coinvolti nel ciclo selvatico** degli ortoflavivirus nell'area endemica italiana.

Il successo di WNV-1 rispetto a WNV-2

Negli ultimi anni, l'Italia ha registrato una delle più significative ondate di West Nile Virus in Europa, con un picco critico nel 2022. Tra i principali elementi in gioco c'è la coesistenza di due lineaggi virali, WNV-1 e WNV-2. Mentre WNV-2 è stato prevalente per un decennio, dal 2011 al 2021, **la ricomparsa di WNV-1 in Veneto nell'autunno del 2021 ha segnato un punto di svolta**. Questo ceppo si è rapidamente diffuso nel 2022, risultando associato a una **maggiore neuroinvasività nell'uomo**, con conseguente aumento di casi gravi e decessi, soprattutto in Veneto. Gli ultimi dati ufficiali riportano che **nel 2024 il lineaggio 1 è stato quattro volte superiore rispetto al 2023**.

Nel 2022 in Veneto sono state registrate 531 infezioni umane da WNV e sono stati testati virologicamente 93.213 zanzare e 2.193 uccelli, con tassi di infezione (IR) rispettivamente del 4,85% e dell'8,30%. **Nel 2023 sono state confermate 56 infezioni umane** da WNV e sono stati testati virologicamente 133.648 zanzare e 1.812 uccelli (IR rispettivamente dell'1,78% e del 4,69%). A completamento del quadro epidemiologico vi sono infine i dati dell'[ultimo bollettino della Regione del Veneto](#) – non inclusi nello studio – secondo cui **le infezioni umane confermate nel 2024 sono state 130**, con 138.800 zanzare e 2.329 uccelli testati

virologicamente (IR rispettivamente del 0,38% e del 4,42%).

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: IZS Venezie

Peste suina africana, è arrivata in Europa da quasi vent'anni



La peste suina africana (PSA) non è arrivata in Europa di recente dall'Africa: il virus che la causa è **presente nel continente almeno dal 2007**. Lo rivela uno studio pubblicato su [Genome Biology and Evolution](#), la prestigiosa rivista dell'Oxford University Press, che si basa su nuove sequenze genomiche del virus isolate in

Lituania. Il virus della peste suina africana provoca una malattia emorragica acuta nei suini domestici e nei cinghiali selvatici, con mortalità altissima.

I danni economici

Secondo l'Organizzazione mondiale per la salute animale, solo nel 2022 l'Europa ha perso oltre un milione di capi suini a causa della malattia, con un impatto che si fa sentire non solo sui bilanci ma anche sull'equilibrio degli ecosistemi. Andando a ritroso, è stato stimato che dal 2007 ad oggi, **i danni economici causati dall'epidemia** hanno superato i 2,1 miliardi di dollari, un peso insostenibile per la filiera

agricola europea. Nonostante questo, non esiste ancora un vaccino efficace disponibile su larga scala.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: sanitaeinformazione.it

Relazione sulla resistenza agli antimicrobici dei batteri zoonotici e commensali negli animali destinati alla produzione



Ministero della Salute

Pubblicata dal Ministero della Salute la relazione sulla resistenza agli antimicrobici dei batteri zoonotici e commensali negli animali destinati alla produzione di alimenti e nelle carni derivate.

[Leggi la relazione](#)

Fonte: Ministero della Salute

Diminuiscono i focolai di peste suina africana nei suini dell'UE



Lo scorso anno i focolai di peste suina africana (PSA) nei suini domestici sono diminuiti dell'83% rispetto al 2023 (da 1929 a 333), si apprende dall'[ultimo rapporto epidemiologico annuale dell'EFSA](#). Il calo è dovuto principalmente alla diminuzione

di focolai in Romania e Croazia e rappresenta il numero totale annuale più basso di focolai nell'UE dal 2017.

Il rapporto evidenzia anche che il numero di Stati membri dell'UE interessati dalla PSA è diminuito per la prima volta dal 2014, passando da 14 a 13, con la Svezia ora indenne dalla malattia e nessun nuovo Paese che abbia segnalato infezioni.

In un'ottica più ampia, la maggior parte degli Stati membri è stata interessata da focolai sporadici di PSA, mentre è la Romania ad aver avuto il 66% del numero totale di focolai nell'UE. La maggior parte di essi (il 78%) si è verificata in allevamenti con meno di 100 suini.

Il numero di focolai nei cinghiali selvatici è rimasto stabile dal 2022. Il rapporto EFSA indica anche che il 30% di tutti i focolai nei cinghiali selvatici è stato segnalato dalla Polonia.

Nel 2024 gli Stati membri interessati hanno analizzato un numero crescente di campioni di suini domestici provenienti da attività di sorveglianza passiva. Questo tipo di sorveglianza consiste nell'indagare i casi sospetti di malattia e ha

permesso di individuare l'80% circa dei focolai di PSA tra i suini domestici e il 70% dei focolai tra i cinghiali selvatici dell'UE.

Gli scienziati dell'EFSA raccomandano agli Stati membri interessati di continuare a mirare le misure di monitoraggio alla sorveglianza passiva. Raccomandano inoltre di continuare a eseguire, nelle aree e nei periodi considerati a rischio, il campionamento sistematico dei suini morti (sorveglianza passiva rafforzata) onde garantire l'individuazione precoce della malattia.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: EFSA