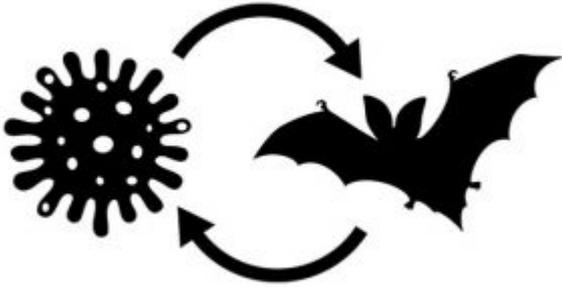


Il rischio zoonotico dei sarbecovirus



Il rischio zoonotico dei coronavirus trasmessi dai pipistrelli, incluso SARS-CoV-2 agente della pandemia COVID19, è oggetto di programmi di sorveglianza epidemiologica in Cina e nel sud-est asiatico, dove i pipistrelli selvatici sono ritenuti serbatoi dei parenti più stretti noti di SARS-CoV-2.

In Europa, l'attività di sorveglianza è limitata a pochi studi che hanno esaminato e caratterizzato il coronavirus nei pipistrelli. In un recente lavoro, ricercatori britannici hanno applicato il sequenziamento dell'RNA per lo screening dei coronavirus in 48 campioni fecali di 16 specie di pipistrelli ed in sei specie di pipistrelli hanno recuperato nove genomi completi di quattro sarbecovirus strettamente correlati. Per testare la capacità di quest'ultimi coronavirus circolanti nel Regno Unito di infettare le cellule umane che esprimono come recettore l'enzima di conversione dell'angiotensina 2 (hACE2), hanno incorporato le loro proteine S-spike in pseudovirus basati su lentivirus (versioni sicure di questi virus) e ne hanno trovato uno in grado di legarsi, anche se in modo non ottimale, ed utilizzare le cellule umane ma con livelli innaturalmente elevati di recettore ACE2.

Sebbene ciò renda improbabile che il virus possa fare un salto zoonotico, diffondersi ed evolversi senza adattamenti chiave, in particolare nelle loro proteine S, l'alta prevalenza di ricombinazione genetica tra i sarbecovirus potrebbe facilitare il superamento della barriera genetica. Cioè: altri

sarbecovirus che circolano nei pipistrelli britannici potrebbero essere in grado di legare l'ACE2 umano in modo più efficiente.

Questi risultati evidenziano che il rischio zoonotico dei sarbecovirus può estendersi oltre i confini asiatici ed interessare l'Europa, dove la sorveglianza genomica nella fauna selvatica è ancora limitata. Per evitare di essere colti di sorpresa nel caso in cui un prossimo sarbecovirus si riversi sugli esseri umani da una posizione o un ramo senza precedenti dell'albero genealogico, è prioritario realizzare programmi di sorveglianza virale più estesi a livello globale per comprendere le dinamiche di condivisione virale negli ospiti dei mammiferi, compresi i pipistrelli e fornire informazioni chiave sui determinanti molecolari ed ecologici degli eventi zoonotici.

Maurizio Ferri

[Leggi l'articolo:](#) "Genomic screening of 16 UK native bat species through conservationist networks uncovers coronaviruses with zoonotic potential"