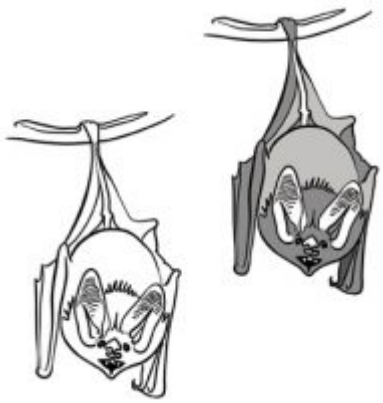
SARS-CoV-2. Virus “parenti” nei pipistrelli in Giappone e Cambogia



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.

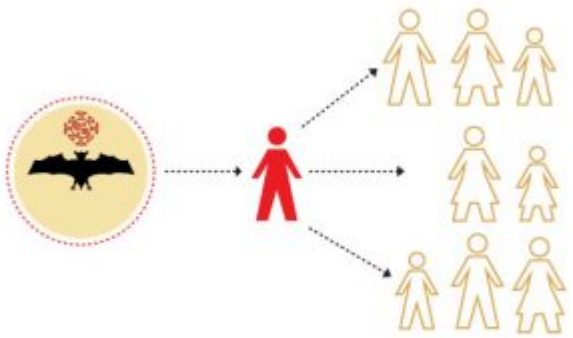
Duong afferma che il sequenziamento preliminare del genoma di un breve frammento del nuovo virus pipistrello – lungo 324 paia di basi – ha mostrato che era simile in una particolare regione di SARS-CoV-2 e RaTG-13, suggerendo che i tre sono strettamente correlati. Quella regione è altamente conservata 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.

Prevenire pandemie zoonotiche. Sorice: i Servizi Veterinari Italiani lo fanno



Scienziati australiani preparano veterinari e operatori del settore agricolo di 11 paesi asiatici per individuare precocemente le malattie zoonotiche che potrebbero fare il "salto di specie" dagli animali agli esseri umani.

Qual è la situazione in Italia e cosa sarebbe successo se il salto di specie che ha portato alla pandemia Covid-19 fosse avvenuto in Italia? Lo ha chiesto, fra l'altro, Sanità Informazione al Presidente SIMeVeP, Antonio Sorice

«*Il focolaio sarebbe stato circoscritto e la diffusione del contagio contenuta*», ha dichiarato Sorice. Questo perché in

Italia c'è un sistema di prevenzione che permette una sorveglianza continuativa da parte dei servizi sanitari del sistema sanitario nazionale, in stretta collaborazione con i servizi medici. «*Tale sorveglianza consente di intercettare sin da subito le patologie che derivano dal mondo animale e che possono essere trasmesse all'uomo*».

L'articolo integrale su Sanità Informazione

A proposito dell'intervista a Luc Montagnier

Di recente è stata diffusa un'intervista al virologo francese Luc Montagnier (premio Nobel per la medicina nel 2008) sull'origine del VIRUS SARS-CoV-2 che ha destato molto stupore nell'opinione pubblica. Su tale intervento ci sono pervenuti alcuni commenti del prof. Giovanni Di Guardo, che volentieri ospitiamo:

"*Il professor Luc Montagnier è senza dubbio un Grande della Medicina, come dimostra il Premio Nobel di cui e' stato insignito nel 2008 (che tuttavia, a onor del vero, avrebbe dovuto condividere con Robert Gallo, co-scopritore del virus dell'Aids, HIV), ma da qui a dire che le Sue "certezze" siano quelle della Comunità Scientifica, che di prove sull'origine naturale di SARS-CoV-2 ne ha gia' fornite parecchie (si veda, in proposito, l'autorevole studio recentemente pubblicato su Nature Medicine), ce ne corre davvero tanto…..(e c'è chi, come*

il professor Clerici, ha gia' preconizzato, sulle pagine dell'autorevole Journal of Virology, la comparsa di SARS-CoV-3, anch'esso di origine naturale!).

Quanto sopra anche alla luce delle pregresse, fondamentali evidenze scientifiche sulla cui scorta anche SARS-CoV e MERS-CoV, i due "illustri" predecessori di SARS-CoV-2, avrebbero avuto anch'essi un'origine naturale! La Storia della Medicina (Historia Magistra Vitae!) ci ha fornito nel tempo molti esempi di virus (e, più in generale, di agenti patogeni) capaci di effettuare il fatidico "salto di specie" uomo-animale, a tal punto che oltre il 70% degli agenti responsabili delle cd "malattie infettive emergenti" riconoscerebbero un comprovato o sospetto "serbatoio animale"……e, chissà quali e quante sorprese ci riserverà il futuro, andando avanti di questo passo (incremento demografico, deforestazione, riscaldamento globale, crescente contaminazione da composti chimici e plastiche a livello globale, etc. etc.).

Dobbiamo stare pronti (Estote Parati!), come professioni sanitarie e come professionisti sanitari, a tutti i livelli, incrementando (ed, in una serie di casi, pure attivando!) una quantomai ampia ed intensa collaborazione interdisciplinare (nel segno di "One Health", che spesso appare ai miei occhi più uno "slogan" piuttosto che un sano e salvifico concetto e principio al quale ispirare e ricondurre costantemente i nostri comportamenti e le nostre azioni in ambito di sanità pubblica!).

Un'ultima considerazione in merito ai singolari contenuti dell'intervista rilasciata da Luc Montagnier (sul ruolo dell'inquinamento elettromagnetico preferirei sorvolare, visto che epidemie e pandemie esistono "dalla notte dei tempi"!): quale folle mente utilizzerebbe un "backbone coronavirale" per mettere a punto un eventuale vaccino nei confronti di HIV (virus notoriamente assai mutevole peraltro, anche nel corso di una singola infezione in un singolo individuo!) quando

esistono vettori virali di espressione (vedi Adenovirus, per esempio) ben più innocui?”

Giovanni Di Guardo
Università di Teramo
Facoltà di Medicina Veterinaria

1° bollettino di aggiornamento bibliografico dell’ISS

L’ISS ha dato il via lla pubblicazione di un bollettino di aggiornamento bibliografico a cura del Gruppo di lavoro ISS “Aggiornamento scientifico COVID-19”. Si tratta di uno strumento di documentazione indirizzato agli operatori sanitari, basato sulla breve recensione di articoli scientifici internazionali che aiutano a descrivere la complessità e gli aspetti trasversali che l’epidemia COVID19 (o Sars-CoV-2) sta ponendo alla sanità pubblica.

Il documento si compone di schede riassuntive che descrivono obiettivi, risultati, metodologia e rilevanza degli llo studio nonchè il link agli studi originali che vengono raggruppati per aree tematiche:

-Comunicazione e formazione
-Diagnosi di laboratorio

-Epidemiologia
-Infection control
-Patologia e clinica
-Preparedness
-Tecnologie a supporto
-Altro

A cura dell segreteria SIMeVeP

CoViD-19, dove sono i patologi?

Nella mia veste di patologo veterinario nonche' di professore di patologia generale e fisiopatologia veterinaria presso la Facolta' di Medicina Veterinaria dell'Universita' di Teramo, faccio sommessamente notare che non vi e' finora traccia di un patologo, sia pure un solo patologo, che sia stato intervistato in merito alla drammatica emergenza "CoViD-19" nei vari dibattiti e "talk show" trasmessi in prima serata dalle principali emittenti televisive.

Di contro, nei sopra citati contesti si registra da settimane la puntuale quanto reiterata presenza di virologi, infettivologi, microbiologi, immunologi, epidemiologi ed altri insigni specialisti e studiosi i quali, pur nelle loro diversificate quanto complementari abilita' e competenze

scientifiche e professionali, risultano condividere un “minimo comune denominatore”: la pur autorevole e qualificata “narrazione” che i colleghi di cui sopra possono fare della CoViD-19 e del famigerato virus SARS-CoV-2, che e’ stato appena identificato, peraltro, in una tigre dello zoo di New York, puo’ prendere in esame, giocoforza, la sola “dimensione *intra vitam*” della malattia.

Il patologo e’, infatti, l’unico specialista oggettivamente abilitato a “fotografare” prima e a “narrare” poi la non meno rilevante “dimensione *post mortem*” della CoViD-19 e dell’infezione da SARS-CoV-2 – cosi’ come quella di tutte le altre condizioni morbose, ad eziologia infettiva e non – mediante il fondamentale ausilio degli esami autoptici e delle indagini istopatologiche ed immunoistochimiche successivamente condotte sui pazienti deceduti.

L’Italia ha purtroppo, con gli oltre 18.000 casi d’infezione ad esito fatale sinora registrati, il triste primato del Paese col piu’ alto numero di decessi su scala globale nei pazienti SARS-CoV-2-infetti. Quest’ultimo dato, oltremodo allarmante, grida vendetta al cospetto della quantomai palese “asimmetria narrativa” esistente fra “dimensione *intra vitam* e *post mortem*” della CoViD-19, le cui molteplici questioni irrisolte potranno trovare adeguate risposte grazie anche al fondamentale quanto imprescindibile contributo fornito dai patologi!

Giovanni Di Guardo
Università di Teramo
Facoltà di Medicina Veterinaria

Nuovo coronavirus, dagli animali all’uomo, dall’uomo agli animali e……..

Come emerge da vari studi pubblicati su autorevoli riviste scientifiche, gatto, criceto, furetto, visone, tigre e leone rappresentano, unitamente al macaco e ad altri primati non umani, specie animali suscettibili nei confronti dell’infezione naturale e/o sperimentale da SARS-CoV-2, il famigerato coronavirus responsabile della CoViD-19.

I gatti SARS-CoV-2-infetti sarebbero altresì in grado, analogamente a quanto accertato nella nostra specie, di trasmettere per via respiratoria il virus ad altri gatti posti a stretto contatto con essi.

In Olanda, ove l’infezione da SARS-CoV-2 e’ stata recentemente segnalata in diversi allevamenti di visoni, sarebbero stati parimenti osservati casi di CoViD-19 fra il personale dedito al mantenimento di questi animali. Visto e considerato che gli isolati virali identificati nei suddetti pazienti mostravano analogie di sequenza, in rapporto a quelli ottenuti dai visoni, ben più spiccate rispetto a quelle presenti negli isolati virali caratterizzati da altri individui CoViD-19-affetti residenti nella medesima area, appare plausibile che i primi abbiano potuto acquisire l’infezione dai visoni.

Tutto ciò ci rimanda inevitabilmente al complesso ciclo naturale di un’infezione pandemica, quella da SARS-CoV-2 per l’appunto, che nei pipistrelli avrebbe trovato la propria

culla d’origine, per poi trasferirsi (presumibilmente) ad un secondo “serbatoio” animale – a tutt’ oggi non ancora identificato con certezza – e di lì all’uomo, con ulteriori “passaggi” del virus dalla nostra specie a quelle citate in premessa.

Il nuovo coronavirus si trova “in buona compagnia” da questo punto di vista, e non soltanto perché i suoi due “illustri” predecessori responsabili della SARS e della MERS hanno avuto una pressoché analoga origine (pipistrelli), ma anche e soprattutto perché il 70% e più delle “malattie infettive emergenti” riconoscono un’origine animale.

Questioni complesse, da affrontare in un’ottica multidisciplinare e di “One Health”.

Prof. Giovanni DI GUARDO
Docente di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria
Facolta’ di Medicina Veterinaria – Universita’ degli Studi di Teramo