

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.

Gli strumenti diagnostici nella strategia di sorveglianza epidemiologica

di COVID-19



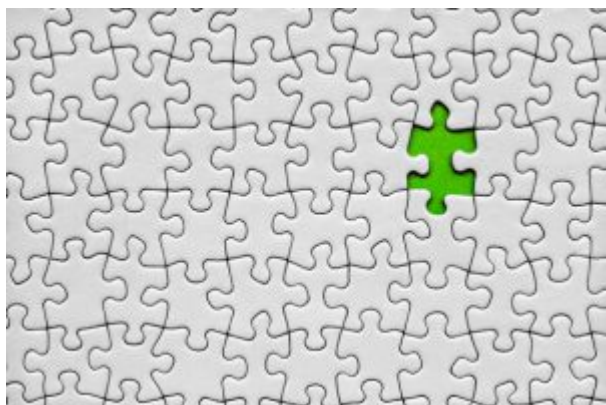
Maurizio ferri, Coordinatore Scientifico SIMEVeP, analizza gli strumenti diagnostici oggi disponibili all'interno dei programmi di sorveglianza per COVID-19, come la loro scelta dipenda dal contesto epidemiologico, l'accuratezza degli stessi e l'effetto delle

varianti su test diagnostici e vaccinazioni.

“E' chiaro – sostiene Ferri in conclusione – che per garantire in futuro l'accuratezza dei test diagnostici (molecolare ed antigenico) è di fondamentale importanza portare avanti i programmi di vaccinazione il più rapidamente possibile, catalogare gli obiettivi genomici della diagnostica SARS-CoV-2 e sequenziare in maniera regolare e diffuso i campioni clinici”.

[Leggi il documento integrale](#)

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.

Omicron: per quanto tempo ancora l'alfabeto greco designera' le varianti di SARS-CoV-2?



L'identificazione della variante "omicron", alias "B.1.1.529", recentemente avvenuta in Sudafrica – sebbene la stessa fosse già presente nei Paesi Bassi -, ha reso ancora più esiguo il numero delle lettere dell'alfabeto greco non ancora utilizzate per designare le

varianti di SARS-CoV-2 che progressivamente emergono sulla scena epidemiologica mondiale. Contemporaneamente si accresce, altresì, il numero delle specie animali suscettibili al betacoronavirus responsabile della CoViD-19.

In alcune di queste (gatto, cane, cervo a coda bianca) e' stata parimenti segnalata la presenza di varianti ("alfa", "B.1.2", "B.1.311" ed altre ancora), verosimilmente acquisite da nostri conspecifici SARS-CoV-2-infetti.

In un siffatto contesto, risulta particolarmente degna di attenzione la variante "cluster 5", comparsa oltre un anno fa negli allevamenti intensivi di visoni olandesi e danesi, per esser quindi ritrasmessa dai visoni stessi all'uomo.

In considerazione di quanto sopra esposto e, nondimeno, in una quantomai opportuna prospettiva di "One Health" – la "salute unica di uomo, animali ed ambiente" -, sarebbe a dir poco

miope e riduttivo considerare Homo sapiens sapiens quale “unico attore” coinvolto nelle intricate e complesse dinamiche d’interazione virus-ospite, tanto piu’ alla luce della probabile quanto plausibile origine di SARS-CoV-2 dal mondo animale.

Giovanni Di Guardo

Gia’ Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria

all’Universita’ di Teramo

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 Facolta’ di Medicina Veterinaria dell’Universita’ 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!"

I Veterinari, la pandemia COVID-19 e i vaccini



Di Maurizio Ferri

Coordinatore scientifico Società
Italiana di Medicina veterinaria
preventiva (SIMeVeP)

SIMEVEP: In un'ottica One Health è quanto più necessaria una collaborazione interprofessionale tra la medicina veterinaria e quella umana. L'esperienza sul campo e la ricerca veterinaria su virus patogeni nei selvatici con potenziale epidemico o pandemico possono contribuire alla messa a punto di vaccini e di strategie di controllo della pandemia COVID-19 e di prevenzione di quelle future

La pandemia COVID-19 ha fatto emergere una interrelazione stretta tra la salute delle persone, la sanità animale e la protezione dell'ambiente. Questo scenario, non nuovo se si considerano le passate pandemie SARS (2002), H1N1 (2009) e MERS (2012) deve richiamare i Governi e le istituzioni sanitarie ad un impegno preciso ed inderogabile: declinare con forza e consapevolezza le azioni di prevenzione e controllo delle infezioni secondo una visione olistica-globale che attiene il concetto One Health. Lo sforzo da compiere, a cui siamo chiamati tutti, in primis i decisori è di lavorare per trovare una convergenza delle professionalità che operano in settori diversi della sanità pubblica, ma che condividono gli stessi interessi ed obiettivi sanitari, ed inserire le emergenze sanitarie all'interno di un sistema molto più ampio per assicurare interventi di prevenzione e controllo efficaci e sostenibili. Per garantire l'efficacia dei piani pandemici e la loro coerenza con l'approccio One Health, occorre abbattere gli steccati tra le professioni e sviluppare sinergie ed integrazioni metodologiche tra la medicina veterinaria e quella umana, al netto del contributo altrettanto essenziale di altre figure professionali come sociologi, ingegneri, antropologi, esperti ambientali, economisti.

I piani pandemici devono prevedere opportuni e sempre aggiornati programmi di sorveglianza integrata finalizzati al rilevamento di segnali *spill-over* in contesti eco-ambientali con stretta interfaccia animale-umana e con potenziale epidemico o pandemico, oltre che assicurare una più ampia

mobilizzazione delle competenze veterinarie (epidemiologi, virologi) all'interno delle task force nazionali. Detti piani devono inoltre far proprio un modello simile a quello militare, in cui le operazioni, comprensive delle esercitazioni annuali di simulazione di epidemie, vengono realizzate già in tempi di pace, sostenute da strumenti e dalla definizione di ruoli specifici all'interno di un piano strategico che consenta di sapere quando e come rispondere, ed essere più preparati a contrastare le future pandemie. In sostanza si tratta di una guerra tra noi ed il virus! Per tradurre ciò su scala nazionale è imperativo che la politica assicuri capitoli di finanziamenti ad hoc per la prevenzione e gestione delle 'emergenze pandemiche,' sotto la guida delle istituzioni sanitarie.

I veterinari e la sorveglianza epidemiologica.

La professione veterinaria parte già con un forte accento *One Health* in virtù delle esperienze fatte sul terreno della sorveglianza delle infezioni negli animali che si trasmettono alle persone (es. zoonosi come *Salmonella* e *Campylobacter*) per la loro prevenzione e controllo, gestione delle passate epidemie animali e costruzione di vaccini. Questo bagaglio professionale va sostenuto perché è funzionale alla gestione della pandemia COVID-19 e di quelle future. Un esempio eccellente della sorveglianza in chiave *One-Health* è il piano nazionale di preparazione e risposta all'infezione *West Nile*, che colpisce i cavalli, si trasmette all'uomo ed è endemica in alcune regioni italiane, principalmente nelle province del Nord situate nel bacino del Po. Dal 2018 nel nostro paese sono stati notificati oltre 247 casi umani autoctoni di malattia neuro-invasiva da *West Nile*.

[L'applicazione del piano](#) ha permesso ai veterinari di rilevare la circolazione virale nei vettori (zanzare del genere *Culex*) nove giorni prima dell'insorgenza dei sintomi del primo caso umano confermato. Ciò ha consentito di attivare risposte tempestive sia per il controllo vettoriale,

sia per l'applicazione in medicina umana delle misure di sicurezza nelle donazioni del sangue e trapianti e per prevenire la trasmissione dell'infezione umana.

I veterinari ed i vaccini

La narrativa sui primi vaccini nella storia dell'umanità si intrecciano con gli animali e veterinari. Già il termine vaccino, nel senso etimologico di bovino, designava il vaiolo dei bovini (*cowpox*) o vaiolo vaccino. Ad Edward Jenner si deve nel 1796 il vaccino contro la variante umana (*smallpox*) del virus del vaiolo. Il medico e naturalista britannico, osservò che i contadini contagiati dal vaiolo bovino una volta superata la malattia, non si ammalavano della sua variante di gran lunga più grave.

L'inoculazione di materiale purulento da una donna ammalata di *cowpox* al braccio di un ragazzo di otto anni lo rese immune e prevenne la malattia. Da allora il vaiolo vaccino ha permesso di debellare a livello mondiale la malattia.

Successivamente, nel 1880, Louis Pasteur dimostrò l'applicabilità dello stesso principio, utilizzando colture di germi responsabili del colera dei polli che conferivano resistenza contro le infezioni batteriche nell'uomo e chiamò vaccino la coltura batterica.

Oggi, in un'ottica *One Health* si colloca la creazione di vaccini animali contro alcune zoonosi. Mi piace citare la ricerca sui virus del papilloma nei conigli e bovini che ha contribuito allo sviluppo del vaccino contro il *papillomavirus* umano somministrato alle ragazze per prevenire il cancro cervicale. Riguardo invece ai coronavirus, la veterinaria da decenni studia le relative infezioni animali (cani, gatti ed animali da allevamento) ed ha messo a punto vaccini efficaci per prevenirle. I veterinari sanno che i coronavirus isolati per lo sviluppo di vaccini contro alcune infezioni animali sono rimasti in gran parte invariati per decenni, il che suggerisce un basso tasso di mutazione rispetto ad altri virus come l'influenza, che al contrario richiedono vaccini

stagionali contro gli ultimi ceppi circolanti. Forse ciò può costituire una lezione preziosa per lo studio dei vaccini contro il coronavirus? In sostanza le tecnologie esistenti ed il relativo know-how non necessitano di essere inventati dal nulla. E questo ci conduce ad un esempio eccellente dell'approccio *One Health* per la costruzione di vaccini, che consente alle diverse discipline di ricerca di collaborare per fornire soluzioni che giovino contemporaneamente agli animali, alle persone e agli ecosistemi. Ed è il nuovo vaccino contro la Febbre della Valle del Rift (FVR), denominato [ChAdOx1](#), sviluppato dal *Jenner Institute* presso l'Università di Oxford e la cui l'efficacia protettiva è stata confermata dai ricercatori del *Pirbright Institute* nel Regno Unito. La FVR è un'infezione che colpisce i ruminanti e si trasmette all'uomo attraverso il contatto con animali infetti e relativi tessuti contaminati, oltre che con la puntura di zanzare infette. L'infezione umana può condurre a cecità, encefalite e febbre emorragica, ed ad oggi non esistono vaccini umani. La tecnologia ChAdOx1 si basa sull'utilizzo di un vettore costituito da un adenovirus della scimmia non replicante integrato con i geni che codificano alcune glicoproteine dell'*envelope* virale responsabili della risposta immunitaria. Oltre che per la FVR, il vaccino vettoriale ChAdOx1 viene attualmente sperimentato per le infezioni virali umane [MERS](#), [Chikungunya](#) e [Nipha](#) che riconoscono tutte un serbatoio animale. La stessa tecnologia ChAdOx1 è stata impiegata sempre dal *Jenner Institute* in collaborazione con la casa farmaceutica anglo-svedese AstraZeneca per lo sviluppo del vaccino umano vettoriale [ChAdOx1 nCov-19](#) contenente il materiale genetico della proteina Spike del virus SARS-CoV-2, attualmente in attesa di essere autorizzato dall'*European Medicines Agency* (EMA).

Il contributo è stato [pubblicato da Quotidiano Sanità](#)

A proposito dell'assenza di un veterinario nel CTS...



E' pubblicata sulla rivista British Medical Journal (BMJ) un [approfondimento di Maurizio Ferri](#), responsabile scientifico SIMeVeP, alla "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»](#).

Prendendo spunto dalle osservazioni del Prof. Di Guardo, Ferri pone in evidenza l'importanza, in una prospettiva One Health, dell'esperienza veterinaria nell'affrontare efficacemente le epidemie di malattie animali, anche altamente diffuse.

Nella pandemia da COVID-19 convergono complesse interconnessioni tra animali, uomo e ambiente; la sua gestione richiede quindi senza mezzi termini l'integrazione delle discipline correlate e la piena considerazione dei principi di One Health.

In quest'ottica l'applicazione di una strategia di sorveglianza veterinaria appare come una potenziale soluzione per consentire istantanee affidabili delle epidemie di COVID-19, prevedere e monitorare la curva epidemica, prevenire lo sforzo del sistema sanitario e informare in modo efficiente le decisioni su quando le misure di controllo possono essere revocate.

La nuova variante inglese VOC 202012/01 di SARS-CoV-2 e potenziali effetti sui vaccini ed immunità naturale

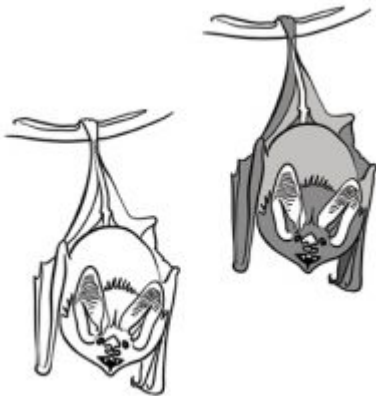


Nelle prime settimane di dicembre le autorità sanitarie del Regno Unito registrano un rapido aumento dei casi di COVID-19 nella regione del Kent, nel sud-est del paese.

L'analisi delle sequenze genomiche del virus SARS-CoV-2 isolato da pazienti consente di associare un'ampia percentuale di casi (60%) ad un nuovo cluster filogenetico. Si tratta di una variante del virus o più precisamente di una famiglia di varianti che si collocano in un ramo evolutivo dell'albero filogenetico di SARS-CoV-2 e caratterizzate da una combinazione di delezioni (assenza di piccoli pezzi di genoma virale) e di mutazioni nella proteina S (degli spikes) mai viste nel panorama delle tante varianti che circolano nel mondo.

Infatti presentano in maniera insolita 17 mutazioni di recente denominate Variant of Concern 202012/01 (VOC) dal Public Health England

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 dividevano 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.

SARS-CoV-2, aumenta il numero delle specie animali sensibili



E' di poche settimane fa la notizia relativa alla presenza di anticorpi anti-SARS-CoV-2 – il famigerato coronavirus responsabile della CoViD-19 – in un'elevata percentuale (40%) di "cervi a coda bianca" popolanti la regione nord-orientale degli USA.

Ciò desta preoccupazione per una serie di motivi, come ho anche riferito in una mia ["Lettera all'Editore"](#) [pubblicata](#)

[sulla prestigiosa Rivista *BMJ*](#).

Degna della massima considerazione sarebbe, in primo luogo, l'avvenuta esposizione al virus della succitata popolazione di cervidi, ai quali lo stesso sarebbe stato trasmesso, con ogni probabilità, da uno o più individui SARS-CoV-2-infetti. *In secundis*, la propagazione dell'infezione ad un così ingente numero di esemplari suggerisce che il virus si sarebbe trasmesso all'interno della specie, il cui comportamento gregario ne avrebbe favorito la diffusione.

Numerose sono, altresì, le specie animali domestiche e selvatiche già dichiarate suscettibili nei confronti dell'infezione (naturale e/o sperimentale) da SARS-CoV-2. Fra queste si annoverano gatto, cane, criceto, furetto, leone, tigre, leopardo delle nevi, puma, gorilla, lontra e visone: elenco tutt'altro che esaustivo, ma che già di suo denota la notevole "plasticità" del virus, presumibilmente originatosi da uno o più "serbatoi" animali e capace d'infettare specie filogeneticamente assai distanti fra loro.

Un discorso a parte in tale ambito lo merita il visone, in cui SARS-CoV-2, una volta acquisito dall'uomo, sarebbe evoluto in una temibile "variante" ("*cluster 5*") per esser quindi "restituito" all'uomo in forma mutata, come è stato dimostrato un anno fa in numerosi allevamenti di visoni olandesi e danesi.

La comprovata capacità d'infettare in condizioni naturali un crescente numero di specie animali domestiche e selvatiche andrebbe pertanto considerata ai fini sia della loro salute e conservazione sia del potenziale sviluppo di nuove varianti di SARS-CoV-2, nella sana ottica della "*One Health*", *alias* la "salute unica" di uomo, animali ed ambiente.

Giovanni Di Guardo

Già Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso la Facoltà di Medicina Veterinaria

dell'Università degli Studi di Teramo