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

Rapporto Interagenzia ECDC-EFSA sulle indagini e gestione coordinate One Health dei focolai causati dai virus zoonotici dell’influenza aviaria nell’uomo e animali.

È stato pubblicato il 29 Gennaio 2025 il Rapporto Interagenzia ECDC-EFSA sulle indagini e gestione coordinate One Health dei focolai causati dai virus zoonotici dell’influenza aviaria nell’uomo e animali.

In risposta alla richiesta della Commissione europea entrambe le agenzie hanno elaborato il documento di orientamento *Coordinated One Health investigation and management of outbreaks in humans andanimals caused by zoonotic avian influenza viruses*.

Il documento prende in considerazione cinque diversi scenari nell’interfaccia uomo-animale-ambiente per le indagini sui focolai, inclusi un approccio generale alle indagini congiunte (sanità pubblica e veterinaria), le valutazioni congiunte dei rischi che dovrebbero informare i gestori dei

rischi e l’adozione di potenziali misure di gestione.

Tre scenari sono innescati da sospette epidemie negli animali, tra cui quelle di specie elencate e non elencate (uccelli), animali da compagnia e uccelli/mammiferi selvatici. Gli altri due scenari sono avviati da un probabile caso umano o dal rilevamento del virus in acque reflue o campioni ambientali (ad esempio acque superficiali o altre fonti).

In ognuno dei cinque scenari vengono delineate le azioni che dovrebbero essere intraprese dalle diverse parti interessate per indagare sulla fonte dell’infezione e prevenire un’ulteriore trasmissione utilizzando un approccio One Health.

Tutti gli scenari richiedono un coordinamento intersettoriale e un approccio One Health. Sebbene la sequenza specifica delle azioni e le esigenze di comunicazione possano variare tra gli scenari, vanno tuttavia assicurati i meccanismi di risposta generali per le indagini e la gestione delle epidemie.

Il rapporto identifica anche le eventuali criticità relative agli strumenti (ad esempio le piattaforme di comunicazione e condivisione dei dati), i punti chiave per lo scambio di informazioni tra i diversi settori, i fattori scatenanti per le valutazioni congiunte del rischio e le lacune nelle conoscenze esistenti per le quali devono ancora essere sviluppate linee guida o regolamenti.

Per far sì che le indagini e la gestione delle epidemie siano tempestive ed efficaci, la strategia One Health dovrebbe essere stabilita in tempo di pace con l’individuazione delle responsabilità, delle capacità dei servizi di sanità pubblica e veterinari e dei meccanismi di collaborazione.

Inoltre, per lo sviluppo e l’implementazione degli strumenti che garantiscono la preparazione per rispondere rapidamente ed efficacemente alle minacce dell’influenza aviaria zoonotica, devono esse garantiti risorse adeguate e supporto politico.

A cura di Maurizio Ferri

Le nuove, intriganti traiettorie di SARS-CoV-2 nel mondo animale

E’ di poche settimane fa la notizia relativa ad un ulteriore ampliamento del già ampio spettro d’ospite posseduto dal betacoronavirus SARS-CoV-2, il famigerato agente responsabile della pandemia da CoViD-19.

Nello specifico, ben 6 nuove specie di mammiferi selvatici (opossum, procione, marmotta, topo cervo, silvilago orientale e pipistrello rosso) si sono aggiunte all’elenco di quelle, sia domestiche sia selvatiche, già dichiarate suscettibili nei confronti dell’infezione da SARS-CoV-2, mentre una sin qui inedita mutazione sarebbe stata descritta a carico del gene codificante per la “Spike (S) protein” – grazie alla quale si realizza l’interazione del virus con il recettore ACE2 posto sulla superficie delle cellule-ospiti – nell’opossum, analogamente a quanto avvenuto verso la fine del 2020 nei visoni degli allevamenti danesi e olandesi per il ceppo virale denominato “Cluster 5”.

E come non citare, in proposito, il ben noto caso dei cervi a coda bianca (*Odocoileus virginianus*) statunitensi nella cui popolazione il virus, previamente acquisito da Homo sapiens

sapiens (c.d. “*spillover*“), si sarebbe diffuso in lungo e in largo per “ritornare” successivamente all’uomo (c.d. “*spillback*” o “zoonosi inversa”) in forma mutata, come già accaduto nei visoni d’allevamento in Danimarca e nei Paesi Bassi?

A fronte dell’elevato e progressivamente crescente numero di specie suscettibili nei confronti dell’infezione dal SARS-CoV-2, che a tutt’oggi supererebbe le 50 unità, ciò che maggiormente preoccupa (o, per meglio dire, ci dovrebbe preoccupare) è la distanza filogenetica esistente fra le stesse, che in una normale dinamica d’interazione ospite-parassita (ospite-virus, nella fattispecie) costituisce un fondamentale determinante biologico e prerequisito rispetto alla cosiddetta “barriera di specie”.

Quest’ultima, nel caso del betacoronavirus responsabile della CoViD-19, sarebbe definita dal livello di omologia esistente fra il recettore ACE2 umano e quello della specie animale di volta in volta considerata, con particolare riferimento alla regione/sequenza del succitato recettore direttamente interagente con il “*receptor-binding domain*” (RBD) situato all’interno della (glico)proteina S del virus.

Evidentemente, nello specifico caso di SARS-CoV-2, questa barriera di specie risulterebbe oltremodo “permeabile”, così da consentire il trasferimento dell’agente virale a numerose specie animali (anche) filogeneticamente distanti fra loro, una situazione quest’ultima che risulterebbe esacerbata dal progressivo quanto persistente emergere di nuove varianti e sottovarianti virali sempre più diffusive e contagiose (vedi, a puro titolo esemplificativo, quelle più recenti denominate “FLiRT” quali JN.1, KP.2, KP.3 e LB.1).

In un siffatto contesto, va da sè che il rischio relativo all’emergere di nuove varianti possa risultare sensibilmente accresciuto dal passaggio del virus a nuove specie animali, soprattutto in ambito selvatico – ove le dinamiche evolutive

del rapporto ospite-parassita risulterebbero oggettivamente più difficili da controllare -, parallelamente a quanto sta avvenendo anche nel caso del virus dell'influenza aviaria A(H5N1), che in virtù dei recenti quanto numerosi "salti di specie" dallo stesso operati potrebbe acquisire la capacità (sin qui non ancora dimostrata, per nostra fortuna) di diffondersi in maniera efficace da uomo a uomo.

A tal proposito, come ben si sa, più un agente virale replica all'interno delle cellule di una determinata specie sensibile nei confronti dello stesso, maggiore diviene la probabilità che si realizzino, di pari passo, eventi mutazionali a carico del proprio genoma, con la conseguente comparsa di varianti più diffusive e contagiose di quelle precedenti.

Ciò descrive con esattezza quel che è accaduto, sta tuttora accadendo e, con ogni probabilità, continuerà ad accadere nel caso di SARS-CoV-2, un betacoronavirus il cui genoma consta di circa 30.000 nucleotidi, con una frequenza di mutazioni (sia "silenti" o "sinonime" che "non silenti" o "non sinonime") pari all'incirca ad una ogni 10.000 basi azotate coinvolte in ciascun ciclo replicativo virale.

In ultima analisi, la notevole "plasticità' di SARS-CoV-2, che ha già consentito e continua a permettere al virus di trasferirsi ad un così elevato e crescente numero di specie animali domestiche e selvatiche, anche filogeneticamente distanti le une dalle altre, costituirebbe a mio avviso un ulteriore elemento a favore dell'origine naturale di SARS-CoV-2, visto e considerato che un siffatto comportamento mal si concilierebbe in termini di plausibilita' biologica con quello di un agente creato artificialmente in laboratorio.

Concludo queste mie riflessioni e considerazioni ponendo in particolare risalto, ancora una volta (e mai abbastanza, comunque!), la fondamentale rilevanza del concetto/principio della One Health – la salute unica di uomo, animali ed ambiente – non soltanto nella complessa ed articolata gestione

eco-epidemiologica dell'infezione da SARS-CoV-2 – così come di quella da virus dell'influenza aviaria A(H5N1) -, ma in generale di tutte le c.d. "malattie infettive emergenti", il 70% delle quali, è bene ricordarlo, riconoscono la loro origine, comprovata o sospetta che sia, in uno o più serbatoi animali.

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

---

Dengue: un problema di sanità globale

La dengue è una malattia virale acuta causata dal virus dengue (DENV), un virus a RNA del genere *Flavivirus* appartenente alla famiglia *Flaviviridae*, e spesso viene trasmessa all'uomo attraverso
la puntura delle zanzare *Aedes,* prevalentemente *Aedes aegypti* o *Ae. albopictus.*

Ad oggi è considerata forse la più importante malattia virale trasmessa da zanzare all'uomo e ha un impatto economico significativo, per i conseguenti costi sanitari globali, stimati in oltre 8,9 miliardi di dollari all'anno.

Nel contesto della prevenzione della dengue, una prospettiva One Health consentirebbe di affrontare le complesse relazioni

tra la malattia, i suoi vettori (*zanzare Aedes*) e i loro habitat ecologici.

Ne parlano Ivan Corti e Maurizio Ferri in un articolo pubblicato su La Settimana Veterinaria

---

Toxoplasma gondii negli ovini: prevalenza sierologica al mattatoio in Italia e fattori di rischio ambientale

La toxoplasmosi è un zoonosi causata da *Toxoplasma gondii* (*T. gondii*) un parassita che può infettare una grande varietà di vertebrati terrestri e marini (mammiferi, uccelli, rettili, molluschi…). I felini, tra cui il gatto domestico, sono tuttavia i soli ospiti definitivi ed eliminano nell'ambiente delle resistentissime oocisti contenenti il parassita; quando altri animali appartenenti alle citate specie suscettibili le ingeriscono diventano ospiti intermedi; *T. gondii* si distribuisce quindi nei tessuti di elezione (tra cui quello nervoso e muscolare) andando a formare delle cisti in cui è contenuta un'altra forma infettante del parassita (i bradizoiti) .

La trasmissione all'uomo, come anche per gli altri ospiti intermedi, può verificarsi attraverso il consumo di carni non adeguatamente cotte proveniente da animali infetti, o tramite

l’ingestione accidentale di oocisti mediante il contatto con le feci di gatti escretori, vegetali o acqua contaminata.

Tra le specie animali sensibili, le pecore mostrano una notevole suscettibilità nei confronti di *T. gondii;* anche in questa indagine, la sieropositività per *T. gondii* degli ovini si conferma infatti in linea con la maggior parte degli studi condotti negli ultimi 20 anni in Italia che riportano percentuali comprese tra il 40 e il 65%. Il trend relativo ad altre specie domestiche particolarmente sensibili come il maiale, rileva una sieroprevalenza in diminuzione nella maggior parte del mondo.

Continua a leggere sul sito dell’IZS Lazio e Toscana

West Nile, confermata in Veneto la circolazione di due ceppi virali

Sulla base di analisi genetiche condotte contemporaneamente su zanzare, uccelli e uomo, i ricercatori dell’Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie hanno verificato che in Veneto circolano due ceppi di virus West Nile, denominati WNV-1 e WNV-2.

I risultati sono stati pubblicati sulla rivista scientifica Eurosurveillance.

La co-circolazione di WNV-1 e WNV-2 è stata confermata dalle analisi genetiche e filogenetiche condotte su campioni provenienti da zanzare, uccelli e uomo. L'attenzione dei ricercatori si è concentrata in particolare sul ceppo WNV-1, che è ricomparso nel 2021 dopo otto anni di assenza dal nord-est e sembra oggi essersi stabilizzato in quest'area geografica. La sorveglianza veterinaria sugli uccelli selvatici ha consentito di identificare WNV-1 in esemplari di tortora dal collare, piccione, corvidi e rapaci notturni rivenuti nelle province di Padova, Rovigo e Venezia. L'ipotesi è dunque che la reintroduzione di questo ceppo possa essere stata favorita all'origine da uccelli selvatici che hanno riportato il virus in questa parte di territorio.

I ricercatori ribadiscono il ruolo fondamentale giocato dai cambiamenti climatici nelle dinamiche di insorgenza di focolai di WNV nel serbatoio animale (uccelli, mammiferi) e nei vettori di malattia (zanzare). Secondo alcuni modelli epidemiologici, le scarse precipitazioni invernali e le alte temperature primaverili registrate negli ultimi anni in Europa potrebbero aver influenzato i meccanismi di diffusione della malattia, aumentando i tassi di crescita della popolazione di zanzare, di puntura e trasmissione del virus.

Leggi l'articolo integrale sul sito dell'IZS delle Venezie

Vaiolo delle scimmie, perché deve essere un monito per tutti

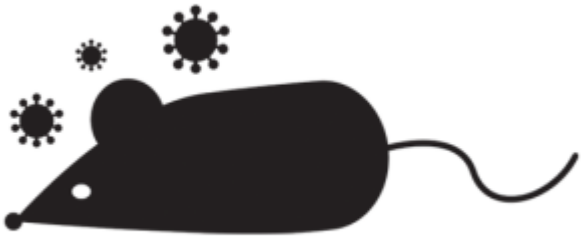
E' pubblicato su Repubblica Salute il contributo di Maurizio Ferri, Coordinatore scientitico SIMeVeP, "Vaiolo delle

scimmie, perché deve essere un monito per tutti”.

Il vaiolo delle scimmie è una infezione zoonotica causata dal virus Monkeypox, cugino del virus del vaiolo, una malattia debellata nei primi anni 80 con una massiccia campagna vaccinale. La malattia è endemica in alcune regioni dell’Africa centrale ed occidentale ed attribuibile a spillover o passaggi del virus da serbatoi animali all’uomo. Casi sporadici di vaiolo delle scimmie sono stati segnalati in altri continenti, per lo più associati a viaggi o importazione di animali esotici. A partire dal 22 Maggio 2022 iniziano le prime segnalazioni di casi al di fuori del continente africano associati al contatto con persone infette e riconducibili al ceppo meno virulento e con bassa trasmissione interumana.

Leggi il contributo integrale

Langya henipavirus. Un nuovo virus animale suscita l’attenzione costante dei ricercatori ai salti di specie



Un nuovo virus animale in grado di infettare le persone è stato identificato nella Cina orientale.

Gli scienziati non sono preoccupati perché il virus non sembra diffondersi facilmente tra le persone e non è fatale. Il virus, chiamato Langya henipavirus (LayV), è strettamente correlato ad altri due henipavirus zoonotici: il virus Hendra e il virus Nipah e può causare sintomi respiratori come febbre, tosse e affaticamento. Sulla base dei dati acquisti si ipotizza che LayV sia trasportato dai toporagni, che potrebbero aver trasmesso il virus alle persone, direttamente o attraverso una specie intermedia, in modo sporadico a partire dal 2018.

Per determinare la potenziale origine animale del virus, i ricercatori hanno testato capre, cani, maiali e bovini che vivevano nei villaggi dei pazienti infetti, sia per la ricerca di anticorpi contro LayV sia per cercare la presenza di LayV RNA in campioni di tessuto e urina da 25 specie di piccoli animali selvatici. Hanno così trovato anticorpi LayV nel 2% delle capre e nel 5% dei cani testati, ma hanno identificato l'RNA virale LayV nel 27% dei 262 toporagni campionati. Sebbene molte ricerche debbano ancora essere fatte per capire come si sta diffondendo il virus nei toporagni e come le persone vengono infettate, questa nuova scoperta ribadisce l'urgente necessità di definire un sistema di sorveglianza globale per rilevare gli spillover (salto di specie) di virus e comunicare rapidamente tali risultati per evitare altre pandemie, come quella innescata da COVID-19.

Leggi l'articolo integrale sul sito dell'Istituto

Procedure operative per prevenire l’infestazione da Baylisascaris procyonis

Baylisascaris procyonis è un nematode endemico del Nordamerica e sporadicamente segnalato in altri Paesi: in Italia è stato segnalato per la prima volta nel 2021 da 5 procioni abbattuti nel territorio del Casentino (AR).

L’infestazione è tipica del procione (ospite definitivo) e occasionalmente di altri carnivori, tra cui il cane, nei quali decorre in modo asintomatico con lo sviluppo di nematodi adulti nell’intestino tenue (20-22 cm le femmine e 9-11 cm i maschi).

Numerosi ospiti paratenici (principalmente roditori, lagomorfi e uccelli selvatici) possono infestarsi sporadicamente attraverso l’ingestione di feci contenenti uova infettanti.

Operatori che a vario titolo manipolano procioni ed i soggetti di età pediatrica possono contagiarsi attraverso l’ingestione accidentale di feci o di materiale fecalizzato.

La maggior parte dei casi di contagio umano è stata riportata negli Stati Uniti.

Nonostante la baylisascariasi sia una rara zoonosi, la malattia nell'uomo è caratterizzata da evoluzione clinica molto grave legata alla migrazione larvale.

Sintomi aspecifici come: febbre, letargia e nausea possono svilupparsi già una settimana dall'esposizione. Le larve migrano attraverso una grande varietà di tessuti (fegato, cuore, polmoni, cervello, occhi) producendo una sindrome da larva migrans viscerale e larva migrans oculare, simili alla toxocariasi. Tuttavia, prediligendo il sistema nervoso centrale, a differenza delle larve di Toxocara, quelle di Baylisascaris si sviluppano fino a grandi dimensioni determinando gravi lesioni. Le anomalie neurologiche tendono a comparire da 2 a 4 settimane dopo l'ingestione di uova infettanti, come esito della meningoencefalite eosinofila, e comprendono alterazione dello stato mentale, irritabilità, anomalie cerebellari, atassia, stupor e coma. I trattamenti elminticidi sono spesso inefficaci a causa dei ritardi nella diagnosi e della scarsa attività larvicida nei confronti delle larve a localizzazione encefalica.

Pertanto, l'informazione e la prevenzione sono strumenti necessari per limitare il contagio.

L'Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Lazio e della Toscana ha elaborato per la Regione Toscana delle Procedure operative per la manipolazione dei procioni e delle carcasse durante le fasi di abbattimento e cattura per prevenire il rischio di trasmissione all'uomo.

Post COVID-19: panoramica

delle soluzioni per prevenire future epidemie zoonotiche

Maurizio Ferri, coordinatore scientifico SIMeVeP è coautore di un articolo in inglese pubblicato su "Biological reviews" dal titolo "*Post COVID-19: a solution scan of optionsfor preventing future zoonotic epidemics*".

La crisi generata dall'emergenza e dalla diffusione della pandemia daCOVID 19 ha posto all'attenzione globale i pericoli associati a nuove malattie, nonché il ruolo chiave degli animali, in particolare degli animali selvatici, come potenziali fonti di agenti patogeni per l'uomo.

L'emergente richiesta di un nuovo rapporto con gli animali selvatici e domestici sembrerebbe suggerire soluzioni semplici a un problema complesso. Lo studio identifica 161 possibili opzioni per ridurre i rischi di un'ulteriore trasmissione di malattie epidemiche dagli animali all'uomo, inclusa la potenziale ulteriore trasmissione di SARS CoV 2 (originale o varianti), prendendo in esame tutte le categorie di animali (es. fauna selvatica, in cattività, bestiame non gestito/selvaggio e domestico e animali domestici) concentrandosi sugli agenti patogeni (soprattutto virus) che, una volta trasmessi dagli animali all'uomo, potrebbero acquisire potenziale epidemico con alti tassi di trasmissione da uomo a uomo.

Leggi l'articolo