#### FVE: ONE HEALTH ruolo dei veterinari e sostenibilità della produzione alimentare

FVE — Federazione dei veterinari europei è impegnata in una campagna di informazione sul ruolo e l'impegno dei medici veterinari per la sostenibilità dei sistemi alimentari attraverso attraverso la promozione della salute, del benessere e della salute pubblica degli animali nell'ottica dell'approccio One health.

I veterinari promuovono la sostenibilità dei sistemi alimentari



Healthy & Book of Strain o

Mironme

1. One Health

I veterinari contribuiscono all'approccio One Health attraverso una migliore comunicazione e collaborazione tra i partners per la salute animale, umana e dell'ambiente

- Documento di sintesi FVE <a href="https://bit.ly/3I2J1r6">https://bit.ly/3I2J1r6</a>
- Il ruolo dei veterinari nella promozione di One Health un bene pubblico globale <a href="https://bit.ly/3riLMhX">https://bit.ly/3riLMhX</a>
- #Whylivestockmatter Campagna ILRI <a href="https://whylivestockmatter.org/livestock-pathways-2030-one-hea">https://whylivestockmatter.org/livestock-pathways-2030-one-hea</a> lth

#### Long CoViD e anticorpi antiidiotipo



Le sequele dell'infezione da SARS-CoV-2, efficacemente riassunte dall'espressione "long CoViD", interesserebbero su scala globale circa 100 dei 260 milioni di individui virus-infetti, 5.200.000 dei quali hanno sinora sviluppato forme di malattia ad esito letale (con

oltre 130.000 decessi segnalati in Italia).

Secondo uno <u>studio appena pubblicato sul New England Journal of Medicine</u>, gli anticorpi anti-idiotipo potrebbero rappresentare una rilevante componente implicata nella dibattuta quanto intricata e, per molti aspetti, ancora misteriosa patogenesi della "long CoViD".

Gli anticorpi anti-idiotipo, descritti per la prima volta nel 1974 da Niels Jerne\*, verrebbero prodotti dall'ospite in

risposta alle immunoglobuline primariamente/originariamente elaborate dalle plasmacellule nei confronti di qualsivoglia antigene, interagendo quindi con queste ultime e dando cosi' vita ad un "complesso antigene-anticorpi primari-anticorpi anti-idiotipo".

La principale caratteristica degli anticorpi anti-idiotipo risiede nella loro stretta somiglianza, per non dire pressoche' completa identita', nei confronti dell'antigene, il cui mosaico "not-self" sarebbe fedelmente ricapitolato dagli stessi.

Trasferendo ora queste nozioni sull'accidentato terreno della patogenesi della "long CoViD" e, nondimeno, delle forme gravi di malattia e delle pur rare reazioni avverse osservate a seguito della vaccinazione anti-SARS-CoV-2 — fattispecie accomunate tutte, verosimilmente, da meccanismi patogenetici immuno-mediati -, alla produzione di immunoglobuline primarie anti-SARS-CoV-2 potrebbe far seguito l'elaborazione, da parte dell'ospite, di una conseguente "ondata" di anticorpi anti-idiotipo.

E poiche' questi ultimi, come piu' sopra richiamato, sarebbero a loro volta contraddistinti da una "specularita' antigenica" nei confronti dei diversi epitopi virali (a cominciare, ovviamente, dalla glicoproteina "spike"), ecco che il sistema immunitario si troverebbe nuovamente esposto ai medesimi stimoli antigenici che aveva dovuto fronteggiare in risposta alla primitiva infezione naturale e/o alla vaccinazione. Si metterebbe dunque in moto una sorta di circolo vizioso, progressivamente alimentato dalle anzidette "cicliche" ondate di anticorpi anti-SARS-CoV-2 e di anticorpi anti-idiotipo rivolti verso questi ultimi.

Un siffatto meccanismo patogenetico, suggestivo ed intrigante al contempo, potrebbe fare il paio e risultare complementare o, al contrario, alternativo rispetto a quello inerente la prolungata e reiterata persistenza di SARS-CoV-2 in uno o piu' distretti tissutali dell'ospite in corso di "long CoViD", come riferisco in una "Letter to the Editor" appena pubblicata sul BMJ. Quest'ultima ipotesi patogenetica muove le sue premesse da quanto chiaramente documentato in materia d'infezione da "Human Immunodeficiency Virus" (HIV), la cui grande variabilita' antigenica (cd "antigenic drift") coinciderebbe con la produzione di ondate consecutive di anticorpi da parte dell'ospite nei confronti del complesso quanto mutevole mosaico di epitopi progressivamente caratterizzanti l'agente virale nel contesto di un'infezione, quella da HIV perlappunto, che per sua intrinseca natura risulta cronica e protratta.

Qualora una sequenza di eventi piu' o meno sovrapponibile a quella registrata in corso d'infezione da HIV dovesse verificarsi anche in corso di "long CoViD", cio' potrebbe rappresentare un ulteriore "prerequisito" ai fini della comparsa di addizionali varianti ("variants of concern" e "variants of interest") di SARS-CoV-2, la cui ultima incombente minaccia sarebbe giustappunto costituita da quella denominata "omicron" e nota con la sigla "B.1.1.529", che e' stata recentemente identificata in Sudafrica ed in altri Stati limitrofi.

Giovanni Di Guardo Gia' Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria all'Universita' di Teramo

\*Jerne NK. Towards a network theory of the immune system. Ann Immunol (Paris) 1974;125C:373-389

# Covid: gli animali più a rischio? Quelli che frequentano l'uomo



Mucche, gorilla e orsi sono a più alto rischio di contagiarsi di di SARS-CoV-2. Più in generale, tutte le specie a stretto contatto con l'uomo. A scoprirlo, lo studio del Cary Institute of Ecosystem Studies, pubblicato su Proceedings of the Royal Society B. Per arrivare a

questi risultati, i ricercatori hanno utilizzato un nuovo approccio con un modello computerizzato in grado di prevedere la capacità di contrarre l'infezione da SARS-CoV-2 di 5.400 specie di mammiferi ed estendendo la capacità predittiva di rischio Covid-19 di vari ordini di grandezza.

Delle specie ad alto rischio segnalate, secondo lo studio, molte vivono vicino alle persone e negli hotspot Covid-19.

Secondo i ricercatori, un importante ostacolo alla previsione delle specie di mammiferi ad alto rischio sono i dati limitati su ACE2, il recettore cellulare a cui si lega SARS-CoV-2 negli animali. ACE2 consente a SARS-CoV-2 di entrare nelle cellule ospiti e si trova in tutti i principali gruppi di vertebrati. È probabile che tutti i vertebrati abbiano recettori ACE2, ma le sequenze erano disponibili solo per 326 specie. Per superare questo ostacolo, il team ha sviluppato un modello di apprendimento automatico che combinava i dati sui tratti biologici di 5.400 specie di mammiferi con i dati disponibili su ACE2.

L'obiettivo: identificare le specie di mammiferi con

un'elevata "capacità zoonotica" — la capacità di contrarre l'infezione da SARS-CoV-2 e trasmetterla ad altri animali e persone. Il metodo che hanno sviluppato potrebbe aiutare a estendere la capacità predittiva per i sistemi di malattie oltre il Covid-19.

"Il SARS-CoV-2 ha avuto origine in un animale prima di fare il salto alle persone" — commenta l'autore Ilya Fischhoff, del Cary Institute of Ecosystem Studies — "Ora, le persone hanno causato infezioni in una varietà di mammiferi, principalmente quelli tenuti nelle fattorie, negli zoo e persino nelle nostre case. Sapere quali mammiferi sono in grado di reinfettarci è fondamentale per prevenire le infezioni da spillback e nuove varianti pericolose", conclude. Quando un virus passa dalle persone agli animali e di nuovo alle persone si parla di spillover secondario. Questo fenomeno può accelerare la creazione di nuove varianti nell'uomo che sono più virulente e meno reattive ai vaccini.

La ricaduta secondaria di SARS-CoV-2 è già stata segnalata tra i visoni d'allevamento in Danimarca e nei Paesi Bassi, dove ha portato ad almeno una nuova variante di SARS-CoV-2.

Questo modello matematico ha previsto la capacità zoonotica delle specie di mammiferi con una precisione del 72% e ha identificato numerose altre specie di mammiferi con il potenziale di trasmettere SARS-CoV-2.

Le previsioni corrispondevano ai risultati osservati per cervi dalla coda bianca, visoni, cani procioni, leopardi delle nevi e altri. Il modello ha rilevato che le specie di mammiferi più rischiose erano spesso quelle che vivono in paesaggi disturbati e in prossimità delle persone, inclusi animali domestici, bestiame e animali che vengono scambiati e cacciati. Si prevedeva che i primati avessero la più alta capacità zoonotica e il più forte legame virale tra i gruppi di mammiferi. Il bufalo d'acqua, allevato per il latte e l'allevamento, aveva il rischio più alto tra il bestiame. Il

modello ha anche previsto un elevato potenziale zoonotico tra i mammiferi commerciati vivi, tra cui macachi, orsi neri asiatici, giaguari e pangolini, evidenziando i rischi posti dai mercati vivi e dal commercio di animali selvatici. SARS-CoV-2 presenta anche sfide per la conservazione della fauna selvatica.

L'infezione è già stata confermata nei gorilla di pianura occidentale. Per le specie ad alto rischio come i gorilla di montagna, l'infezione da spillback potrebbe verificarsi attraverso l'ecoturismo. Gli orsi grizzly, gli orsi polari e i lupi, tutti nel 90esimo percentile per la capacità zoonotica prevista, sono spesso gestiti dai biologi per la ricerca e la gestione. Han spiega: "Il nostro modello è l'unico che è stato in grado di fare previsioni sui rischi per quasi tutte le specie di mammiferi. Ogni volta che sentiamo parlare di una nuova specie che è stata trovata positiva al SARS-CoV-2, rivisitiamo la nostra lista e scopriamo che è classificata in alto. I leopardi delle nevi avevano un punteggio di rischio intorno all'80° percentile. Ora sappiamo che sono una delle specie selvatiche che potrebbero morire di Covid-19".

Le persone che lavorano a stretto contatto con mammiferi ad alto rischio dovrebbero prendere ulteriori precauzioni per prevenire la diffusione di SARS-CoV-2. Tra questi, la priorità delle vaccinazioni tra veterinari, guardiani dello zoo, allevatori di bestiame e altre persone in contatto costante con gli animali. I risultati possono anche guidare strategie di vaccinazione mirate per i mammiferi a rischio. Un'iterazione più efficiente tra previsioni computazionali, analisi di laboratorio e sorveglianza degli animali ci aiuterà ad ottenere informazioni necessarie per guidare la risposta alla pandemia zoonotica ora e in futuro, concludono gli autori.

Fonte: AGI

## SARS-CoV-2, l'intrigante ed allarmante caso dei cervi a coda bianca statunitensi



Il cervo a coda bianca (Odocoileus virginianus) è, in ordine di tempo, l'ultima specie che si aggiunge al già consistente novero di quelle naturalmente e/o sperimentalmente suscettibili nei confronti dell'infezione da SARS-CoV-2, il famigerato

betacoronavirus che ha sinora mietuto oltre 5 milioni di vittime nel mondo, 130.000 e più delle quali in Italia.

Il cervide in questione, la cui marcata sensibilità all'infezione sperimentalmente indotta era già stata documentata da un precedente studio che aveva parimenti dimostrato un'elevata omologia di sequenza fra il recettore virale ACE-2 della stessa e quello umano, albergherebbe infatti, nel 40% dei campioni di emosiero ottenuti da esemplari residenti nella regione nord-orientale degli USA, anticorpi anti-SARS-CoV-2. Tassi di prevalenza anticorpale ancor più consistenti, pari a circa l'80% degli individui esaminati, sarebbero stati altresì rilevati in occasione di un'ulteriore indagine condotta fra i cervi a coda bianca dell'Iowa, i cui risultati sono stati appena pubblicati in forma di "preprint" (vale a dire senza che il manoscritto sia stato ancora sottoposto alla cosiddetta "revisione tra pari", alias "peer review").

Nello specifico, quest'ultimo lavoro ha confermato i dati già emersi dai succitati studi condotti nei mesi precedenti, con particolare riferimento all'elevato grado di suscettibilità nei confronti di SARS-CoV-2 da parte dei cervi a coda bianca che, una volta acquisita l'infezione — con ogni probabilità dall'uomo, leggasi "spillover uomo-cervo" -, sarebbero stati capaci di propagarla all'interno della propria specie senza che ciò esitasse, peraltro, nella comparsa di una malattia clinicamente manifesta, eccezion fatta per sporadici casi d'infezione paucisintomatici. I cervi dell'Iowa, inoltre, sarebbero risultati sensibili ad alcune "varianti" di SARS-CoV-2 identificate nella nostra specie, quali in primis la "B.1.2" e la "B.1.311".

Diversamente da quanto osservato poco più di un anno fa negli allevamenti intensivi di visoni dei Paesi Bassi e della Danimarca (ove lo "stamping out" di massa ha comportato l'abbattimento di ben 17 milioni di esemplari!), non è stato sinora documentato alcun caso di trasmissione di SARS-CoV-2 dai cervi a coda bianca all'uomo (leggasi "spillback cervo-uomo"). Ciononostante, quello dei visoni olandesi e danesi, che avrebbero "restituito" in forma mutata all'uomo una variante di SARS-CoV-2 ("cluster 5") selezionatasi nel loro organismo a seguito della pregressa trasmissione del virus agli stessi da parte dell'uomo, costituisce a mio avviso un precedente degno della massima attenzione, come sottolineo peraltro in una mia "Letter to the Editor" appena pubblicata sulla prestigiosa Rivista Veterinary Record.

E' oramai assodato, infatti, che SARS-CoV-2 è un agente patogeno dotato di notevole "plasticità", come eloquentemente testimoniano le numerosissime varianti virali ("variants of concern" e "variants of interest") comparse e circolanti in ogni angolo del Pianeta. Queste ultime sono il frutto, a loro volta, dei cicli replicativi che il virus compie all'interno sia delle nostre cellule sia di quelle delle numerose specie animali domestiche e selvatiche che a SARS-CoV-2 risultano

sensibili. Il genoma di SARS-CoV-2 consta di circa 30.000 nucleotidi e si stima che, ad ogni replicazione coinvolgente 10.000 delle succitate basi azotate, possa corrispondere la comparsa di una mutazione genetica. Ovviamente esistono varie mutazione e, senza entrare troppo nei tipologie di "tecnicismi", solo un ridotto numero di esse permetterà al virus di acquisire "nuove" caratteristiche fenotipiche (alias la cosiddetta "gain of function"), quali ad esempio una più virulenza e/o un'accresciuta capacità spiccata diffusione/trasmissione interumana e di colonizzazione delle nostre cellule, se non addirittura di elusione della risposta immunitaria indotta dall'infezione o dalla vaccinazione, caratteristiche che la ben nota variante "delta" sembra ricapitolare in maniera quantomai efficace al proprio interno.

Come se tutto ciò non bastasse, un caso d'infezione sostenuta dalla variante "alfa" di SARS-CoV-2, precedentemente nota come variante "inglese", è stato accertato alcuni mesi fa in Piemonte in un gatto i cui proprietari erano risultati affetti da CoViD-19, mentre un altro studio appena pubblicato su Veterinary Record descrive ancora una volta la presenza della variante alfa in due gatti ed in un cane con sospetta miocardite in Francia, i cui proprietari avevano manifestato nelle settimane antecedenti sintomi respiratori da CoViD-19.

Come affrontare tutto ciò? La risposta è una ed una sola: mediante un approccio "olistico" e multidisciplinare, mirabilmente riassunto dall'espressione "One Health", la "salute unica" di uomo, animali ed ambiente, che appare ulteriormente enfatizzata dalla presunta origine di SARS-CoV-2 dal mondo animale, al pari di quanto avvenuto per i suoi "illustri predecessori" rappresentati dai betacoronavirus della SARS e della MERS (rispettivamente nel 2002-2003 e nel 2012) e, nondimeno, per gli agenti responsabili delle cosiddette "malattie infettive emergenti", che in almeno il 70% dei casi trarrebbero la propria origine – dimostrata o quantomeno sospetta – da uno o più "serbatoi" animali.

A dispetto di quanto sopra, spiace constatare che nel "Comitato Tecnico-Scientifico", popolarmente noto con l'acronimo CTS, non sieda ancora un solo Medico Veterinario, a distanza dei quasi due anni oramai trascorsi dalla sua istituzione!

Giovanni Di Guardo Gia' Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria all'Universita' di Teramo

#### Di Guardo: "I vaccini, una vera e propria manna per il mondo intero!"



Sono un veterinario che per quasi 20 anni ha insegnato patologia generale e fisiopatologia veterinaria all'Universita' di Teramo e, mantenendo fede all'identità culturale appannaggio della categoria professionale cui mi vanto e mi onoro di appartenere,

mi preme sottolineare che la ragion storica all'origine delle Facoltà di Medicina Veterinaria nel Vecchio Continente, nate dapprima in Francia ed in Italia a partire dalla seconda metà del XVIII secolo, si deve alla peste bovina.

Questa malattia, sostenuta da un virus imparentato con quello del morbillo e che illo tempore era causa di gravissime perdite fra le mandrie di mezza Europa, è stata dichiarata ufficialmente eradicata a livello globale nel 2011 — a distanza di 250 anni esatti dall'istituzione della prima Facoltà di Medicina Veterinaria, fondata nel 1761 a Lione — grazie alle campagne di vaccinazione effettuate sulla popolazione bovina.

Analoga sorte è toccata al vaiolo, anch'esso debellato su scala planetaria nel 1980 grazie alle vaccinazioni di massa della popolazione umana.

Ai giorni nostri il "nemico pubblico" da combattere si chiama SARS-CoV-2, il betacoronavirus che ha sinora mietuto oltre 5 milioni di vittime nel mondo! Gli efficaci vaccini di cui disponiamo a distanza di un solo anno dall'identificazione del virus — quasi un miracolo (!) — costituiscono, come è ben noto, una formidabile arma nel contrasto alla diffusione di SARS-CoV-2, con particolare riferimento alle forme gravi e ad esito letale di CoViD-19.

Di contro, la mancata vaccinazione di ampie fette di popolazione, oltre a "mettere le ali" al virus (come sta avvenendo in diversi Paesi dell'est Europa), si traduce di fatto in un accresciuto rischio di comparsa di nuove varianti, non di rado più contagiose e/o patogene rispetto a quelle circolanti, come chiaramente testimoniato dalle varianti delta, delta plus, lambda e mu, di gran lunga prevalenti e dominanti la scena epidemiologica in molti Paesi se non addirittura in interi Continenti.

In un siffatto contesto, non andrebbe parimenti tralasciato il ruolo che gli animali potrebbero giocare nell'insorgenza di nuove varianti virali. Se da un lato, infatti, il range delle specie suscettibili nei confronti dell'infezione naturale e/o sperimentale da SARS-CoV-2 appare in progressiva espansione, come recentemente documentato dai "cervi a coda bianca" (Odocoileus virginianus) nella regione nord-orientale degli Stati Uniti d'America, l'emblematico "precedente" rappresentato dagli allevamenti intensivi di visoni nei Paesi

Bassi e in Danimarca (ove ben 17 milioni di questi animali sono stati abbattuti!) dovrebbe essere adeguatamente enfatizzato: nei visoni allevati in questi due Paesi è stata accertata già nel 2020, infatti, la presenza di una nuova variante di SARS-CoV-2, denominata "cluster 5" e contraddistinta dalla mutazione Y453F a livello della glicoproteina "spike" (S), che si sarebbe "selezionata" a seguito della pregressa acquisizione del virus umano da parte dei visoni, che gli stessi avrebbero quindi "restituito" all'uomo.

Repetita iuvant e, cosa non meno importante, Historia magistra vitae!

Giovanni Di Guardo Gia' Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria all'Universita' di Teramo

# Webinar Antimicrobicoresistenza — L'approccio ONE HEALTH al tempo della pandemia da COVID-19



In occasione delle giornata europea degli antibiotici il Ministero della Salute, in collaborazione con l'IZS Lazio e Toscana, sede del Centro di Referenza Nazionale per l'Antibioticoresistenza, organizzano due giorni di lavori su l'Antimicrobicoresistenza,

uno dei fenomeni sanitari più importanti a livello mondiale.

ll 18 e 19 novembre 2021 sarà illustrato lo stato del problema a livello umano, veterinario e ambientale e saranno focalizzate le modalità per un uso prudente degli antibiotici.

L'evento, gratuito, è rivolto tutte le figure professionali del mondo della sanità, per un numero massimo di 200;

Le Iscrizioni vanno fatte entro il 15 novembre tramite Portale della Formazione dell'IZS Lazio e Toscana – <a href="https://formazione.izslt.it">https://formazione.izslt.it</a>

Programma preliminare

#### Preparazione e risposta alle pandemie influenzali: la rete di Epidemic Intelligence Nazionale



L'accordo sancito in Conferenza permanente per i rapporti tra lo Stato, le Regioni e le Province autonome di Trento e Bolzano, il 25 gennaio 2021 sul «Piano strategico— operativo nazionale di preparazione e risposta a una pandemia influenzale (PanFlu) 2021 — 2023 » prevede di

disporre di un sistema di *Epidemic Intelligence* Nazionale ossia un sistema che — comprendono tutte le attività volte all'identificazione precoce di rischi in sanità pubblica, la loro validazione, valutazione e indagine — consenta la rapida rilevazione e analisi di informazioni in base alle quali avviare indagini epidemiologiche e azioni di controllo sul territorio per identificare precocemente e monitorare eventi che possano costituire una emergenza internazionale di sanità pubblica.

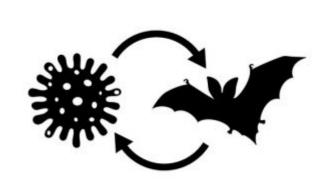
L'epidemic intelligence combina la sorveglianza basata su eventi e quella basata su indicatori. In Italia il Network Italiano di Epidemic Intelligence, finanziato nell'ambito di una azione centrale

del Centro nazionale per la prevenzione e il controllo delle malattie (CCM) costituisce un esempio di questa attività.

Con Decreto Direttoriale del 1° giugno 2021 è stata istituita la Rete di Epidemic Intelligence Nazionale (Rete), composta da analisti formati e certificati dall'Istituto Superiore di Sanità e dal ministero della Salute, designati dai rappresentanti dei servizi sanitari pubblici (Ministero, Iss, Regioni/Pa, Asl, Irccs, ecc.) sul territorio nazionale.

Il Ministero della salute ha diramato una <u>Circolare</u> per fornire indicazioni operative per l'implementazione della sorveglianza basata su eventi a livello nazionale.

### Covid-19, il lungo viaggio dagli animali all'uomo



Secondo un <u>lavoro appena</u> <u>pubblicato in forma di preprint</u>, ovvero non ancora sottoposto a *peer review* ("revisione tra pari"), il betacoronavirus responsabile della Covid-19, SARS-CoV-2, sarebbe emerso nel 2019 in Cina differenziandosi in due distinti "lineages", A e B,

il secondo apparentemente più diffuso rispetto al primo e circolante *ab initio* nell'ormai famoso mercato del pesce di Wuhan, da dove si sarebbe progressivamente propagato al resto del mondo, dando vita alla drammatica pandemia con la quale conviviamo oramai da quasi due anni.

Secondo gli autori del contributo in questione, i due "lineages" potrebbero aver tratto origine da un primario ospite o "serbatoio" animale, che molti studiosi identificherebbero nei pipistrelli del genere Rinolophus, analogamente a quanto già accertato per i due coronavirus responsabili della SARS e della MERS.

Qualora l'origine naturale di SARS-CoV-2 — ritenuta più probabile e plausibile rispetto a quella artificiale o "laboratoristica" — dovesse risultare comprovata dalle ricerche future, la comparsa, più o meno contemporanea, di due distinti clusters virali potrebbe recare con sé una serie di intriganti implicazioni: prima fra tutte, non un singolo, bensì due salti di specie (*spillover*) separati che il "progenitore" di SARS-CoV-2 avrebbe compiuto dal mondo animale

all'uomo. Ipotesi affascinante, ma pur sempre un'ipotesi!

I detrattori dell'origine naturale sostengono, di contro, che SARS-CoV-2 abbia avuto origine nei laboratori dell'Istituto di Virologia di Wuhan, dove tre ricercatori avrebbero sviluppato i sintomi della malattia già a novembre 2019, almeno un mese prima che la Cina comunicasse l'avvenuta identificazione del nuovo coronavirus. In verità, una serie di studi condotti in Europa e altrove avevano consentito di rilevare la presenza del virus nella popolazione umana già diversi mesi prima di quella data.

Cosa ci dicono i dati sull'origine del virus

L'origine "laboratoristica" di SARS-CoV-2 viene teorizzata sulla base della cosiddetta "gain of function", l'acquisizione di nuove funzioni conseguente alle manipolazioni genetiche effettuate in laboratorio. Fra queste rientrerebbe, in primis, la capacità del virus di infettare le nostre cellule e di propagarsi nella nostra specie.

Su questo fondamentale crocevia l'ipotesi dell'origine artificiale si interseca, giustappunto, con quella dell'origine naturale di SARS-CoV-2, che risulterebbe avvalorata da una serie di dati, sia storici che attuali:

- i primi ci rimandano agli agenti responsabili delle cosiddette malattie infettive emergenti, che nel 70% e più dei casi avrebbero una comprovata o sospetta origine animale e, più nello specifico, ai due betacoronavirus della SARS e della MERS, originanti da un serbatoio animale "primario" (pipistrelli) e da un ospite "intermedio" (zibetto e dromedario, rispettivamente);
- per i secondi, invece, l'elevata similitudine genetica (oltre il 96%) che SARS-CoV-2 condivide con altri due coronavirus isolati in Cina dai pipistrelli (RA-TG13 e RmYN02) renderebbe plausibile la sua origine naturale.

Tutto ciò non senza aver posto adeguata enfasi sul lungo

viaggio che in un paio di anni avrebbe portato SARS-CoV-2 a infettare, in condizioni assolutamente naturali, un elevato numero di specie animali domestiche (gatto, cane) e selvatiche (visone, tigre, leone, puma, leopardo delle nevi, lontra, gorilla, cervo a coda bianca), nonché a evolvere in una serie di temibili varianti, quali ad esempio la "cluster 5", che si sarebbe selezionata per l'appunto negli allevamenti di visoni olandesi e danesi, per esser quindi trasmessa dal visone stesso all'uomo.

#### Giovanni Di Guardo

Già Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso la Facoltà di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Teramo

Lettera pubblicata anche su <u>Il Mattino</u> e su <u>saperescienza.it</u>

# One Health per rispondere alle emergenze: il documento dell'ISS alla task force del G20



Rafforzare i piani di prevenzione con un approccio globale tra salute umana, animale e ambientale per fronteggiare possibili future pandemie. E' questo uno degli obiettivi primari del Policy Brief "One Health-Based Conceptual Frameworks for

<u>Comprehensive and Coordinated Prevention and Preparedness Plans Addressing Global Health Threats"</u> un documento sviluppato dai ricercatori dell'ISS e da un team di esperti internazionali nel quadro della <u>Task Force Global Health and Covid-19 del T20/G20</u>

La salute umana è strettamente connessa alla salute animale e dell'ambiente, per cui è importante considerare un approccio **One Health** nella prevenzione e nella *preparedness* per affrontare prontamente possibili minacce per la salute emergenti dall'interfaccia uomo-animale-ambiente.

Il Policy Brief esamina gli aspetti ancora deboli dei piani di *preparedness* e discute le strategie di One Health da adottare ed integrare nei piani.

Infine, vengono evidenziati gli aspetti che ancora ostacolano la piena ed efficiente adozione di strategie di One Health e si propongono una serie di <u>raccomandazioni al G20</u> al fine di condurre azioni concrete in grado di trasformare l'attuale "momentum" della One Health in impegni a lungo termine.

La ricerca su questi aspetti contribuirà anche all'attuale necessità di una migliore comprensione degli scenari futuri relativi che considerino la connessione tra degrado naturale e sfruttamento planetario, rischi di spillover e potenziali nuove pandemie.

Fonte: ISS

## 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 <u>"Lettera all'Editore" pubblicata sulla prestigiosa Rivista BMJ</u>.

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