

Il cambiamento climatico ha modificato la distribuzione dei pipistrelli favorendo la comparsa del virus SarsCov2



Il riscaldamento globale potrebbe avere favorito l'emergere del virus SarsCoV2. Lo indica la ricerca dell'università di Cambridge [pubblicata sulla rivista Science of the total environment](#), che per la prima volta stabilisce un collegamento fra le condizioni

climatiche delle foreste nel Sud della Cina e la comparsa di nuovi coronavirus veicolati dai pipistrelli.

La ricerca ha studiato i cambiamenti su larga scala avvenuti nella vegetazione della provincia meridionale cinese dello Yunnan, nel Myanmar e in Laos. Con l'aumento delle temperature, della luce solare e dell'anidride carbonica nell'atmosfera, il cambiamento climatico ha modificato gli habitat naturali, dalla savana tropicale alle foreste decidue, che sono così diventati gli ambienti adatti per molte specie delle specie di pipistrelli che vivono nelle foreste.

I ricercatori hanno infatti riscontrato che, rispetto alla media, sono aumentate del 40% le specie di pipistrelli che nell'ultimo secolo si sono spostate nel Sud della Cina, dove sono stati isolati più di 100 tipi di coronavirus che hanno origine nei pipistrelli. Questa zona è inoltre quella in cui i dati genetici suggeriscono che possa essere nato il coronavirus SarsCoV2.

“Il cambiamento climatico degli ultimi 100 anni ha reso la provincia dello Yunnan l’habitat ideale per più specie di pipistrelli”, commenta Robert Beyer, primo autore dello studio. Poiché il clima ha modificato gli habitat, le specie hanno lasciato delle aree spostandosi in altre, portandosi i virus con sé. “Sono cambiate così le regioni dove erano presenti i virus e – osserva . sono diventate possibili nuove interazioni tra gli animali e i patogeni, facendo evolvere alcuni virus in modo da rendendoli più dannosi nel trasmettersi”.

Nel mondo ci sono circa 3.000 i tipi di coronavirus veicolati dai pipistrelli finora noti e ogni specie di questi mammiferi ne ospita in media 2,7, senza quasi mai mostrare sintomi. Il cambiamento climatico ha inoltre aumentato il numero di specie di pipistrelli in Africa Centrale, Centro e Sud America. *“Servono limiti all’espansione delle aree urbane e agricole – dicono i ricercatori – e bisogna cercare spazi negli habitat naturali per ridurre il contatto tra umani e animali che veicolano malattie”.*

Fonte: ANSA

**Covid: studio, seconda ondata
inevitabile per effetti
climatici**



La “seconda ondata” della pandemia potrebbe non avere nulla a che vedere con la mancanza di prudenza o di adeguate misure di controllo. Secondo uno studio condotto da Talib Dbouk e Dimitris Drikakis, ricercatori dell’Università di Nicosia a Cipro, avere due

focolai all’anno durante una pandemia è praticamente inevitabile, a causa dell’impatto delle temperature, dell’umidità e del vento.

I risultati, [pubblicati sulla rivista Physics of Fluids](#), evidenziano che sebbene le mascherine, le restrizioni dei viaggi e le linee guida per il distanziamento sociale aiutino a rallentare la crescita dei nuovi contagi a breve termine, a giocare un ruolo chiave a lungo termine sono soprattutto gli effetti climatici.

Per questo, gli studiosi sostengono che bisognerebbe incorporarli nei modelli epidemiologici.

Attualmente i modelli per prevedere il comportamento di un’epidemia contengono solo due parametri di base: la velocità di trasmissione e la velocità di recupero. Questi tassi tendono a essere trattati come costanti, ma Dbouk e Drikakis pensano che in realtà non sia così. Secondo gli studiosi, temperatura, umidità relativa e velocità del vento giocano tutti un ruolo significativo.

Per questo, gli studiosi suggeriscono di modificare i modelli in modo che tengano conto anche di queste condizioni climatiche.

I ricercatori hanno chiamato questa nuova variabile Indice del tasso di infezione nell’aria (Air). Quando hanno applicato l’indice AIR ai modelli di Parigi, New York City e Rio de

Janeiro, hanno scoperto che prediceva accuratamente il momento della seconda epidemia in ciascuna città, suggerendo che due focolai all'anno sono un fenomeno naturale.

Inoltre, il comportamento del virus a Rio de Janeiro è risultato nettamente diverso dal comportamento del virus a Parigi e New York, a causa delle variazioni stagionali negli emisferi settentrionale e meridionale, coerenti con i dati reali. Gli autori sottolineano l'importanza di tenere conto di queste variazioni stagionali quando si progettano misure per la gestione della pandemia.

“Proponiamo che i modelli epidemiologici debbano incorporare gli effetti climatici attraverso l'indice AIR”, dice Drikakis. “I lockdown nazionali o i lockdown su larga scala non dovrebbero essere basati su modelli di previsione a breve termine che escludono gli effetti della stagionalità meteorologica”, aggiunge. “In caso di pandemia, dove non è disponibile una vaccinazione massiccia ed efficace, la pianificazione del governo dovrebbe essere a lungo termine, considerando gli effetti meteorologici e progettando di conseguenza le linee guida per la salute e la sicurezza pubblica”, sottolinea Dbouk. Man mano che la temperatura aumenta e l'umidità diminuisce, Drikakis e Dbouk si aspettano un altro miglioramento nel numero di infezioni, sebbene notino che le linee guida su uso mascherine e su distanziamento sociale dovrebbero continuare a essere seguite con le opportune modifiche basate sul clima.

Fonte: AGI

Giornata mondiale per le Malattie Tropicali Neglette: presentata la road map dell'OMS con gli obiettivi 2021-2030



L'ISS, da anni impegnato nella lotta contro l'echinococcosi cistica ed alveolare, aderisce al programma di prevenzione e controllo delle NTDs

Ridurre il numero di persone che necessitano di interventi contro le Malattie Tropicali Neglette (NTDs) e diminuirne gli anni di vita persi per disabilità (DALYs), eliminarne almeno una in 100 Paesi ed eradicarne totalmente almeno due nel mondo. Sono questi gli obiettivi globali fissati dall'Organizzazione Mondiale della Sanità nella road map per le NTDs 2021-2030 lanciata oggi, in occasione della Giornata Mondiale del 30 gennaio, con l'invito a tutti i governi ad aderire al piano programmatico.

L'ISS con il Centro di Collaborazione OMS ITA-107 ed il Reparto di Parassitosi alimentari e Neglette presso il Dipartimento di Malattie infettive è da tempo impegnato in prima linea, in un contesto di sanità pubblica internazionale, nel combattere due NTDs di rilevanza sia europea che globale,

l'echinococcosi cistica ed alveolare.

“Anche l'Istituto aderisce alla road map dell'OMS – dice **Adriano Casulli**, parassitologo dell'ISS e direttore del WHO Collaborating Centre for the Epidemiology, Detection and Control of Cystic and Alveolar Echinococcosis – con l'obiettivo di aumentare la prevenzione ed il controllo di queste malattie infettive neglette per troppo tempo dimenticate. L'istituto ha condotto la più grande indagine ecografica di popolazione al mondo sull'echinococcosi cistica e avviato un sistema di sorveglianza per la creazione di un Registro clinico Internazionale, ERCE”.

Le NTDs sono un insieme diversificato di **20 malattie causate da virus, batteri, parassiti, funghi e tossine**. Le NTDs hanno in comune il fatto di essere un gruppo di malattie tendenzialmente croniche e disabilitanti, molte delle quali prevenibili e curabili, ma che infettano in maniera sproporzionata le popolazioni povere e marginalizzate, specialmente se lontane dai sistemi sanitari. Colpiscono più di 1 miliardo di persone e causano più di mezzo milione di morti l'anno con conseguenze devastanti per la salute, ma anche con un profondo impatto sociale ed economico.

La nuova road map dell'OMS è stata elaborata attraverso un'ampia consultazione globale iniziata nel 2018 e culminata con l'approvazione del documento da parte degli Stati membri alla 73° Assemblea Mondiale della Sanità (WHA) nel novembre 2020.

Dal 2010 sono stati compiuti progressi significativi. Oggi, 500 milioni di persone non necessitano più di interventi contro diverse NTDs e 40 paesi hanno eliminato almeno una di queste malattie. La **dracunculiasi** è sull'orlo dell'eradicazione, con 54 casi umani segnalati in quattro paesi nel 2019; la **filariosi linfatica** e il **tracoma** sono stati eliminati come problema di salute pubblica rispettivamente in 16 e 9 paesi; l'**oncocercosi** è stata eliminata in quattro paesi

nella regione delle Americhe; il numero annuale di casi di **tripanosomiasi africana** umana è sceso da oltre 7.000 nel 2012 a meno di 1.000 nel 2018, eclissando l'obiettivo originario di 2.000 casi entro il 2020; e il numero di nuovi casi di **lebbra** segnalati a livello globale ha continuato a diminuire dal 2010 a una media dell'1% all'anno dopo che la maggior parte dei paesi endemici ha raggiunto l'eliminazione come problema di salute pubblica (meno di un caso in cura per 10.000 abitanti).

“È necessaria un'azione programmatica continua – afferma l'OMS nel documento – in particolare nelle aree più povere. Serve pertanto uno stretto coordinamento e un'azione multisetoriale all'interno e al di fuori del settore sanitario, che comprende non solo il controllo dei vettori, come l'acqua e i servizi igienico-sanitari, ma anche, ad esempio, l'istruzione e la consapevolezza della salute pubblica”.

Durante la settimana del 30 gennaio in 35 paesi diversi, tra cui l'Italia, inclusi 23 paesi endemici per le NTDs, sono stati organizzati più di 90 eventi. Per tutte le informazioni si possono consultare i siti web

<https://worldntdday.org/>

<https://www.who.int/news/item/11-01-2021-neglected-tropical-diseases-who-to-formally-launch-new-road-map-for-next-decade>

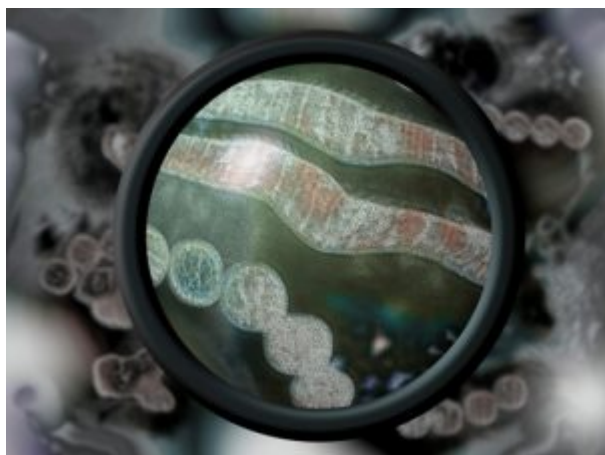
L'Istituto Superiore di Sanità (ISS) insieme alla Società Italiana di Parassitologia (SoIPa), la Società Italiana di Medicina Tropicale e Salute Globale (SIMET), la Società Italiana di Malattie Infettive e Tropicali (SIMIT), la Fondazione Ivo De Carneri, l'Istituto di ricerche farmacologiche “Mario Negri”, Sightsavers Italia Onlus, l'Associazione italiana amici di Raoul Follereau (AIFO), l'Università degli Studi di Milano (UniMI) ed il suo Centre for Multidisciplinary Research in Health Science (MACH) sono uniti nel riconoscere la rilevanza globale di queste malattie

neglette e nel celebrarne, il 30 gennaio, la giornata mondiale.

#BeatNTDs #WorldNTDDay

Fonte: ISS

HPAI. Patogenicità comparata e trasmissibilità nelle recenti infezioni da virus H5.



Wageningen Bioveterinary Research fornisce informazioni sul decorso delle infezioni da influenza aviaria.

La minaccia di focolai di influenza aviaria altamente patogena (HPAI) nel pollame rimane alta, con diversi allevamenti di pollame che sono stati infettati negli ultimi anni. Al fine di ottenere maggiori informazioni sul decorso e la trasmissione delle infezioni da HPAI, Wageningen Bioveterinary Research (WBVR) ha esaminato i sintomi della malattia, la diffusione del virus e la mortalità a seguito di infezione recenti da

virus H5.

La ricerca mostra che un'infezione da virus HPAI H5N8-2014, H5N8-2016 o H5N6-2017 differisce notevolmente tra polli, anatre e piccioni eurasiatici. La patogenicità dei virus per i polli è superiore a quella per anatre e piccioni eurasiatici.

I risultati suggeriscono anche che la patogenicità dei virus HPAI H5 e la diffusione del virus dalle anatre si sta evolvendo, il che può avere conseguenze sul rischio di introduzione di questi virus nel settore del pollame.

Il virus dell'influenza aviaria è facilmente trasmissibile attraverso l'acqua.

La ricerca ha anche osservato livelli più elevati di diffusione del virus da anatre e piccioni infettati dai virus del 2016 e del 2017 rispetto al virus del 2014. Gli uccelli selvatici infetti (come i piccioni) possono introdurre il virus negli allevamenti di pollame attraverso le loro feci.

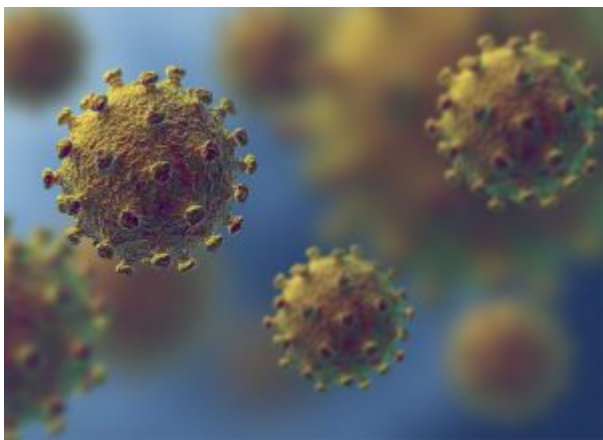
Più il virus è presente nelle feci degli uccelli, più è facile trasmettere il virus al pollame. Questa ricerca mostra anche che il virus può sopravvivere a lungo in acqua (più di una settimana) e che i polli possono essere facilmente infettati dall'acqua potabile contaminata dalle feci degli uccelli.

La WBVR sta conducendo ulteriori ricerche sui fattori genetici e altri aspetti che determinano la patogenicità dei virus HPAI. Una migliore comprensione delle caratteristiche dei virus HPAI può contribuire alla prevenzione di future epidemie.

Fonte: IZS Abruzzo e Molise

[Articolo completo](#) (in inglese)

ISS: uno studio dimostra che i coronavirus dei ricci possono acquisire i geni dell'ospite



Un recente studio condotto da ricercatori dell'Istituto Superiore di Sanità (ISS), dell'Istituto Superiore per la Protezione e Ricerca Ambientale (ISPRA), dell'Università di Bologna (UNIBO), e dell'Istituto Zooprofilattico Sperimentale

della Lombardia e dell'Emilia-Romagna (IZLER) ha dimostrato **la capacità di acquisire geni dell'ospite, da parte di Coronavirus (CoV) del riccio comune (Erinaceus europaeus).**

Lo studio, pubblicato su [Viruses](#) descrive l'acquisizione del gene CD200 del riccio da parte di un gruppo di CoV identificati in una popolazione di ricci selvatici, campionati in nord Italia. Tali virus appartengono allo stesso gruppo dei CoV responsabili di COVID-19 e MERS, con i quali hanno una stretta somiglianza genetica.

Nei mammiferi, il CD200 ed il suo recettore agiscono come importanti **checkpoint della risposta immunitaria** che regolano negativamente al fine di prevenire l'eccessivo stimolo infiammatorio che si osserva talvolta nei confronti degli agenti infettivi, compreso SARS-CoV-2, il coronavirus responsabile di COVID-19.

La capacità dei virus di acquisire geni dell'ospite è un fenomeno noto, tuttavia è la prima volta che viene descritto nei CoV. Sebbene il ruolo del CD200 non sia lo stesso in ogni virus, è stato dimostrato che la sua integrazione nel genoma di alcuni virus (Herpesvirus 8 dell'uomo, Rhesus rhadinovirus R15 e Myxoma Virus), ne aumenta la fitness rispetto alla risposta immunitaria dell'ospite.

Il risultato dello studio è di grande rilevanza poiché dimostra l'esistenza, tra i CoV, di un meccanismo evolutivo estremamente raffinato, potenzialmente in grado di conferire proprietà patogenetiche nuove e più vantaggiose a tali agenti infettivi e indica il valore dello studio delle malattie degli animali quali insostituibili modelli di comprensione della patologia nell'uomo.

Fonte: ISS

COVID-19: studi e riflessioni dell'epidemiologia italiana nel primo semestre della pandemia



Sul sito di [Epidemiologia & Prevenzione](#) è disponibile in formato *open access* il secondo blocco di articoli della monografia fortemente voluta dagli epidemiologi italiani per documentare i lavori prodotti durante la fase iniziale della pandemia di COVID-19.

Dopo gli editoriali e i lavori dei Gruppi AIE, e dopo gli articoli della sezione **SORVEGLIANZA**, è ora la volta della sezione **METODI** e della sezione **AMBIENTE**, in quest'ultima segnaliamo due articoli di grande interesse per chi studia la relazione tra inquinamento atmosferico e COVID-19.

A distanza di pochi giorni, e con cadenza costante, seguirà la pubblicazione di tutti gli articoli che ora vedete elencati nell'**indice**, dedicati agli studi di mortalità, ai test sierologici, alle condizioni di lavoro, alla salute materno-infantile, ai fattori di rischio, all'epidemiologia clinica, alle conseguenze sul nostro SSN, alle diseguaglianze e alle differenze di genere, senza tralasciare uno sforzo per capire cosa avviene in altri continenti.

ISS: Come raccogliere e gettare mascherine e guanti monouso



Al lavoro e a casa: tre infografiche a cura dell'Istituto

Superiore di Sanità su come smaltire questi rifiuti, anche in caso di positività al virus.

[A casa se non sei positivo](#)

[A casa se sei positivo](#)

[Al lavoro](#)

Varianti SARS-Cov-2 nel visone, i documenti ECDC, OMS e Oie



A seguito della segnalazione di 214 casi di persone infettate dalle varianti della SARS-CoV-2 in alcuni visoni da parte della Danimarca, il Centro europeo per la prevenzione e il controllo delle malattie, ha pubblicato la [“valutazione rapida dei rischi per la salute umana derivanti dalle nuove varianti della SARS-CoV-2 nel visone”](#) (in inglese) a cui hanno partecipato anche gli specialisti dell’EFSA. IL documento contiene una serie di raccomandazioni volte a proteggere la salute pubblica.

Nikolaus Kriz, responsabile dell’unità EFSA di “Salute animale e vegetale”, ha dichiarato: *“Mentre il rischio di diffusione transfrontaliera di queste varianti della SARS-CoV-2 tramite gli animali e i loro prodotti è molto basso, è importante che le persone evitino il contatto ravvicinato con i visoni*

allevati. Sono dunque necessarie misure supplementari di sorveglianza per limitare un'ulteriore diffusione".

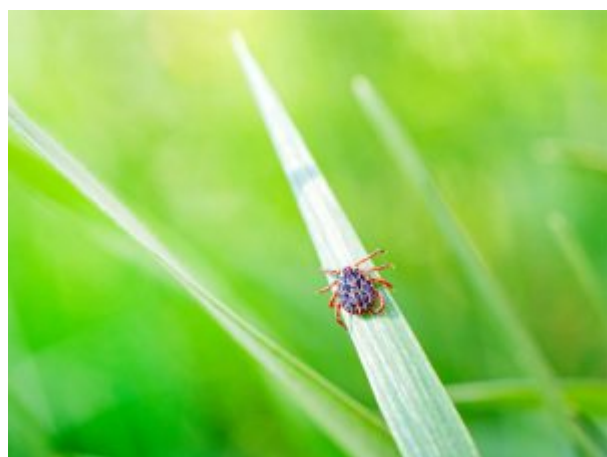
[Comunicato OMS](#) (in inglese)

[Dichiarazione OIE](#) (in inglese)

L'Oie ha inoltre pubblicato una [bozza di linee guida per gli operatori che lavorano in allevamenti di specie suscettibili a SARS-CoV-2](#) (in inglese)

A cura della segreteria SIMeVeP

SENLAT/TIBOLA/DEBONEL: nomi diversi, stessa zoonosi emergente



Ricercatori dell'Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Lazio e della Toscana e dell'Azienda Ospedaliero Universitaria Meyer di Firenze hanno recentemente descritto un caso di SENLAT (*Scalp Eschar and Neck Lymph Adenopathy After a Tick Bite* – Escara del cuoio

capelluto e linfoadenopatia del collo in seguito alla puntura di zecca) in una bambina di 6 anni. Il patogeno identificato è stato *Rickettsia slovaca*. Il caso è in corso di pubblicazione.

La sindrome è stata segnalata per la prima volta in Francia

nel 1997 ed è stata chiamata TIBOLA (*Tick-borne lymphadenopathy* – Linfoadenopatia trasmessa da zecche) perché caratterizzata da un rigonfiamento doloroso dei linfonodi del collo.

In seguito è stata definita DEBONEL (*Dermacentor-borne necrosis erythema and lymphadenopathy* – Linfoadenopatia eritema e necrosi trasmessi da *Dermacentor*) per precisare il nome della zecca generalmente coinvolta (*Dermacentor*) e descrivere altri sintomi presenti quali l'eritema e la necrosi, cioè la morte di una porzione del tessuto cutaneo (escara) in corrispondenza del sito di puntura.

Più recentemente si è preferito l'acronimo SENLAT (*Scalp Eschar and Neck Lymph Adenopathy After a Tick Bite* – Escara del cuoio capelluto e linfoadenopatia del collo in seguito alla puntura di zecca) in quanto non si può escludere il coinvolgimento di altri batteri o vettori nella patogenesi.

E' una zoonosi emergente in Europa. La maggior parte dei casi si osserva da marzo a maggio e da settembre a novembre; in questi periodi si riscontra infatti la maggiore attività delle zecche del genere *Dermacentor*.

[Ulteriori informazioni](#) su cause, sintomi, diagnosi e terapie sul sito dell'IZS LT

Influenza suina, un nuovo virus cinese sotto la lente

dei veterinari



In tempo di pandemia la soglia di attenzione dei media e dell'opinione pubblica verso tutto ciò che è "virale" e di provenienza "asiatica" è molto alta. In questi giorni è stato pubblicato e diffuso uno studio di ricercatori cinesi sulla circolazione di un nuovo virus

influenzale nei suini, che per le sue capacità diffusive viene tenuto sotto controllo dai veterinari e dai virologi di tutto il mondo. Attualmente non ci sono evidenze della possibile presenza del virus nelle carni o nei prodotti derivati dei suini, se non come contaminazione superficiale. I laboratori dell'Istituto zooprofilattico seguono l'evoluzione della malattia per scoprire se e quando il virus potrebbe giungere in Italia.

Diversi virus influenzali tipo A, appartenenti generalmente ai sottotipi H1N1, H3N2 e H1N2, circolano nella popolazione suina mondiale, provocando frequentemente forme respiratorie in questa specie, senza per questo trasmettersi all'uomo.

Il virus recentemente isolato (virus G4), come altri virus influenzali suini, possiede la capacità di legarsi ai recettori alpha 2-6 che sono presenti nelle vie respiratorie dell'uomo e del suino. Uno studio condotto in furetti ha rilevato che il virus G4 presenta una capacità di trasmissione tramite aerosol superiore agli altri virus suini e simile al virus pandemico del 2009. Il centro di Riferimento OIE per l'influenza suina della sede territoriale di Parma ed il laboratorio di Virologia della Sede Centrale dell'Istituto Zooprofilattico (IZSLER), procedono sistematicamente all'isolamento dei virus provenienti dal territorio analizzandone anche le caratteristiche e confrontandole con i

ceppi isolati nel resto del mondo. Dati del laboratorio OIE di riferimento per l'influenza suina dell'IZSLER, ottenuti dal sequenziamento di 347 ceppi H1N1 isolati dal suino nel periodo 2017-2020 in Italia, escludono che tra questi siano compresi stipiti appartenenti al nuovo H1N1 descritto dai ricercatori cinesi.

Non ci sono per altro evidenze che questo nuovo ceppo virale H1N1 si comporti diversamente dagli altri virus influenzali circolanti nella popolazione suina, dove l'infezione è esclusivamente respiratoria, senza viremia (quindi senza la presenza di particelle virali nel circolo ematico) o diffusione del virus ai muscoli o agli organi commestibili. La contaminazione occasionale di carne o organi attraverso le secrezioni respiratorie di animali infetti al momento della macellazione, con modeste quantità di virus, è comunque possibile. Occorre anche sottolineare che la possibilità di avere animali che eliminano il virus all'età di macellazione, in particolare nella realtà Italiana dove si produce prevalentemente il suino pesante, con età non inferiore a 9 mesi, è evenienza non frequente.

In ogni caso, se ingerito con il cibo, il virus deve superare diversi ostacoli come il PH acido dello stomaco e sali biliari nel duodeno, che sono dannosi per il virus stesso. Non ci sono prove che i tessuti del tratto gastrointestinale umano possano servire da porta di accesso o organo bersaglio per i virus influenzali di questo tipo.

Quando il cibo o i prodotti alimentari vengono riscaldati si verifica una rapida inattivazione del virus e a 70°C il virus viene inattivato in pochi secondi. Le evidenze poc'anzi riportate e descritte nel parere EFSA pubblicato nel 2010 proprio sul tema della sicurezza alimentare in relazione alla circolazione del virus H1N1 pandemico del 2009, sottolineano come la trasmissione dei virus influenzali del suino riconosca prevalentemente la via respiratoria tramite aerosol contenente particelle virali, mentre, anche se non può essere escluso nel

caso di consumo di carne cruda, non è dimostrata la trasmissione dei virus dell'influenza suina attraverso il consumo di carne di maiale trasformata e altri prodotti derivati.

Allo stato attuale non ci sono evidenze della circolazione del virus G4 nella popolazione suina e nell'uomo al di fuori della Cina. L'evoluzione dei virus influenzali nelle specie animali viene seguita attentamente dai veterinari e dai virologi di tutto il mondo.

Fonte: IZS Lombardia ed Emilia-Romagna