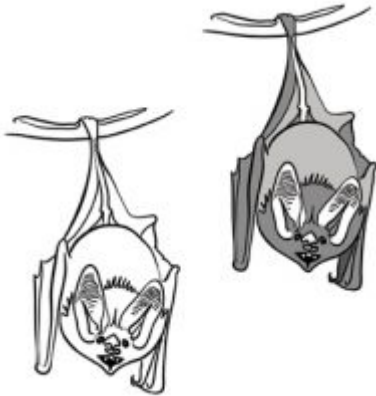


SARS-CoV-2. Virus “parenti” nei pipistrelli in Giappone e Cambogia



Trovati “parenti stretti” del virus Sars-CoV-2 in due laboratori fuori dalla Cina. Un gruppo di ricercatori ha [riferito alla rivista Nature](#) di aver trovato un coronavirus strettamente correlato a SARS-CoV-2 nei pipistrelli a ferro di cavallo conservati in un

congelatore in Cambogia. Nel frattempo, un team in Giappone ha segnalato la scoperta di un altro coronavirus strettamente correlato, trovato negli escrementi di pipistrello congelati. I virus sono i primi parenti noti di SARS-CoV-2 a essere trovati al di fuori della Cina e confermano quanto concluso dall’Organizzazione mondiale della sanità e cioè che la pandemia ha origini animali.

Ci sono evidenze forti che suggeriscono che SARS-CoV-2 abbia avuto origine nei pipistrelli a ferro di cavallo, ma rimane un mistero se sia passato direttamente dai pipistrelli alle persone o attraverso un ospite intermedio.

Il virus in Cambogia è stato trovato in due pipistrelli a ferro di cavallo di Shamel (*Rhinolophus shameli*) catturati nel Nord del paese nel 2010. Il genoma del virus non è stato ancora completamente sequenziato – né la sua scoperta è stata pubblicata – rendendo difficile accertare il pieno significato della sua esistenza per la pandemia.

Se il virus è strettamente correlato a quello pandemico o addirittura a un suo antenato, potrebbe fornire informazioni

cruciali su come SARS-CoV-2 è passato dai pipistrelli alle persone e confermare ulteriormente che l'origine della pandemia è animale, afferma Veasna Duong, un virologo presso l'Istituto Pasteur in Cambogia a Phnom Penh, che ha guidato la ricerca sui vecchi campioni in Cambogia e che ha allertato Nature della sua scoperta all'inizio di novembre. Per fornire queste informazioni, il virus dovrebbe condividere più del 97 per cento del suo genoma con SARS-CoV-2, diventando così il parente più stretto conosciuto.

Ma il nuovo virus potrebbe essere anche più distante e in questo caso studiarlo aiuterà gli scienziati a saperne di più sulla diversità in questa famiglia di virus, secondo Etienne Simon-Loriere, virologo presso l'Istituto Pasteur di Parigi, che prevede di sequenziare il virus e poi pubblicare i risultati.

L'altro virus si chiama Rc-o319 ed è stato identificato in un piccolo pipistrello giapponese a ferro di cavallo (*Rhinolophus cornutus*) catturato nel 2013.

Questo virus condivide l'81 per cento del suo genoma con SARS-CoV-2, il che rende un parente meno stretto e che quindi può dirci poco sull'origine della pandemia, secondo Edward Holmes, virologo dell'Università di Sydney in Australia. *"Indipendentemente da ciò che ha trovato il team cambogiano, entrambe le scoperte sono entusiasmanti perché confermano che i virus strettamente correlati a SARS-CoV-2 sono relativamente comuni nei pipistrelli Rhinolophus e persino nei pipistrelli trovati fuori dalla Cina"*, scrive Nature citando Alice Latinne, biologa evolutiva del Wildlife. *"Questo è quello che stavamo cercando e l'abbiamo trovato"*, dice Duong.

"È stato emozionante e sorprendente allo stesso tempo", aggiunge. I risultati suggeriscono anche che altri parenti di SARS-CoV-2 non ancora scoperti potrebbero essere conservati nei congelatori di qualche laboratorio, afferma Aaron Irving, un ricercatore di malattie infettive presso l'Università di

Zhejiang a Hangzhou, in Cina, che ha in programma di testare campioni conservati di pipistrelli e altri mammiferi per gli anticorpi contro SARS-CoV-2.

*“Non mi aspettavo di trovare un parente di SARS-CoV-2”, dice il virologo Shin Murakami presso l’Università di Tokyo, che faceva parte del team che ha deciso di riesaminare i campioni di animali congelati. Solo una manciata di coronavirus noti sono strettamente correlati a SARS-CoV-2, incluso il suo parente più vicino noto, RaTG13. Questo è stato scoperto in pipistrelli a ferro di cavallo intermedi (*Rhinolophus affinis*) nella provincia cinese dello Yunnan nel 2013. Ci sono anche molti altri coronavirus, trovati in altri pipistrelli e pangolini catturati tra il 2015 e il 2019, che gli scienziati ora sanno essere strettamente correlati a SARS-CoV-2.*

*“SARS-CoV-2 probabilmente non era un virus nuovo di zecca che è apparso all’improvviso. I virus in questo gruppo esistevano prima che ne venissimo a conoscenza nel 2019”, afferma Tracey Goldstein, direttore associato del One Health Institute presso l’Università della California, Davis, che ha collaborato con il team cambogiano. Latinne afferma che le scoperte confermano che i pipistrelli *Rhinolophus* sono il serbatoio di questi virus. Il team di Duong ha catturato i pipistrelli a ferro di cavallo di Shamel in Cambogia come parte del progetto PREDICT finanziato dal governo degli Stati Uniti, che per decenni ha esaminato la fauna selvatica in tutto il mondo alla ricerca di virus con potenziale pandemico e si è concluso all’inizio di quest’anno.*

Ad aprile, l’Agenzia statunitense per lo sviluppo internazionale ha assegnato al programma ulteriori 3 milioni di dollari e un’estensione di 6 mesi per cercare prove di SARS-CoV-2 in campioni animali – principalmente pipistrelli, pangolini e altri animali – conservati in congelatori da laboratorio in Laos, Malesia, Nepal, Thailandia, Vietnam e Cambogia. Un rapporto completo di queste indagini è previsto nelle prossime settimane.

Duong afferma che il sequenziamento preliminare del genoma di un breve frammento del nuovo virus pipistrello – lungo 324 paia di basi – ha mostrato che era simile in una particolare regione di SARS-CoV-2 e RaTG-13, suggerendo che i tre sono strettamente correlati. Quella regione è altamente conservata nei coronavirus, dice Latinne, e viene spesso utilizzata per identificare rapidamente se un virus è nuovo o noto. Ma non è ancora chiaro se RaTG-13 o il nuovo virus sia più strettamente correlato a SARS-CoV-2. È difficile dirlo con un frammento così piccolo, dice Vibol Hul, virologo anche presso l'Istituto Pasteur in Cambogia, che ha catturato i pipistrelli a ferro di cavallo di Shamel all'ingresso di una grotta nel 2010. In un'analisi separata, il team della Cambogia ha sequenziato circa il 70 per cento del genoma del nuovo virus. Da quella sequenza mancavano le istruzioni per le parti cruciali del virus, come i geni che codificano la proteina spike che i coronavirus usano tipicamente per entrare nelle cellule. Il sequenziamento di quella sezione indicherà se questo virus può infettare le cellule umane, afferma Duong.

Il nuovo virus dovrebbe essere almeno per il 99 per cento simile a SARS-CoV-2 per essere considerato un antenato immediato dell'attuale virus pandemico, afferma Irving. I genomi di RaTG13 e SARS-CoV-2 differiscono solo del 4 per cento, ma questa divergenza rappresenta tra i 40 ei 70 anni di evoluzione poiché condividevano un antenato comune. Anche se a distanza di decenni, i virus sono abbastanza simili da utilizzare lo stesso recettore per entrare nelle cellule. Gli studi sulle cellule suggeriscono che RaTG13 potrebbe infettare le persone. Tra i coronavirus noti relativi alla SARS-CoV-2, l'Rc-o319 appena scoperto sembra essere il più distante, dice Duong. Negli studi sulle cellule, il team giapponese ha scoperto che il virus non può legarsi al recettore che SARS-CoV-2 utilizza per entrare nelle cellule umane, suggerendo che non potrebbe infettare facilmente le persone.

Shin afferma che i suoi colleghi hanno catturato più

pipistrelli in Giappone all'inizio di quest'anno e hanno in programma di testarli per i coronavirus. E in ottobre, Hul è tornato nella grotta nel Nord della Cambogia per catturare altri pipistrelli. Probabilmente esistono più coronavirus correlati a SARS-CoV-2 nelle popolazioni di pipistrelli *Rhinolophus*, che vivono in tutta la regione, afferma Holmes. *"Si spera che uno o più di questi siano così strettamente correlati a SARS-CoV-2 che possiamo considerarlo il vero antenato"*, conclude.

'Medicina hominem curat, veterinaria humanitatem', l'intervento di Perrone a Green Zone



Vitantonio Perrone, Vice Presidente SIMeVeP, ha partecipato alla trasmissione "Green Zone" condotta da Mario Tozzi e Francesca Malaguti su Radio Rai 1, andata in onda domenica 6 dicembre per parlare di Covid-19 e zoonosi.

"La medicina cura l'uomo, la veterinaria cura l'umanità" ha ricordato Perrone in apertura, citando S.S. Evseenko, veterinario russo dei primi del 900.

Dal minuto 7.20 l'intervento del Vice Presidente

<https://www.veterinariapreventiva.it/wp-content/uploads/2020/12/13630025.mp3>

Covid e altre zoonosi, Perrone a Green Zone



Vitantonio Perrone, Vice Presidente SIMeVeP, è stato invitato a partecipare alla trasmissione "Green Zone" condotta da Mario Tozzi e Francesca Malaguti su Radio Rai 1.

Il programma andrà in onda domenica 6 dicembre alle ore 10.00 ed è possibile ascoltarla anche da [qui](#)

Varianti e grandi diffusori di SARS-CoV-2, una pericolosa alleanza



Il Prof. Giovanni Di Guardo, già Docente di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso l'Università di Teramo, interviene sul tema delle varianti di SARS-CoV-2 più o meno recentemente identificate nella popolazione virus-infetta e il ruolo dei cosiddetti “big

spreaders” (“grandi diffusori”) nell'epidemiologia dell'infezione.

Tenuto conto che, secondo una stima, il 15-20% di costoro sarebbero responsabili dell'80-85% dei nuovi casi d'infezione, l'interrogativo sollevato dal Professore riguarda in particolare la possibilità che le succitate varianti, ben più diffuse e contagiose rispetto ai ceppi virali noti prima della loro comparsa, fossero presenti – ed in quale misura – in soggetti “grandi diffusori”.

L'articolo completo è pubblicato [da “Quotidiano Sanità”](#)

Studio ISS conferma: il decadimento del virus SARS-CoV-2 è sensibile alla temperatura



Il decadimento del virus SARS-CoV-2, responsabile della pandemia COVID-19, è sensibile all'aumento della temperatura ambientale, come dimostrato per altri virus. E' quanto ha potuto osservare un team di ricercatori del Dipartimento di Malattie Infettive dell'Istituto

Superiore di Sanità in uno studio pubblicato sulla rivista [Clinical Microbiology and Infection dell'European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases.](#)

Gli esperimenti condotti in vitro hanno dimostrato che innalzando la temperatura fino a 28°C, la temperatura massima prevista per il mese di giugno, la carica virale subisce un drastico decadimento entro le prime 24 ore dall'emissione di droplet infette, mentre per raggiungere gli stessi livelli di decadimento alla temperatura di 20-25°C (temperatura ambiente) sono necessari tre giorni.

“I nostri dati aiutano a spiegare il perché le condizioni ambientali estive più sfavorevoli per il virus ne abbiano rallentando la diffusione e il contagio – spiega il virologo **Fabio Magurano** che ha coordinato lo studio – Al contrario l'abbassamento delle temperature permette al virus di resistere di più e nel contempo giustifica una maggiore capacità delle goccioline respiratorie di persistere e diffondersi nell'ambiente, favorendo la diffusione del virus e il contagio”.

Fonte: ISS

SARS - CoV - 2 e le sue “pericolose” relazioni col colesterolo



In un recentissimo articolo a firma di Congwen Wei e collaboratori, apparso sulla rivista “Nature Metabolism”, è stato descritto per la prima volta un intrigante legame fra SARS-CoV-2 – il betacoronavirus responsabile della CoViD-19 – ed il colesterolo o, per meglio

dire, fra il virus e le “lipoproteine ad alta densità” (il cui acronimo, “HDL”, è sinonimo di colesterolo “buono”, diversamente dalle “LDL”, che stanno invece a indicare il colesterolo “cattivo”).

Ne parla il Prof. Giovanni Di Guardo, Docente di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso la Facoltà di Medicina Veterinaria dell’Università di Teramo, in una [lettera al Direttore pubblicata su Quotidiano Sanità](#)

A queste notizie, non del tutto rassicuranti, fa da “alter ego” – per nostra fortuna e, nondimeno, per correttezza d’informazione – la possibilità che la duplice caratterizzazione di questo peculiare meccanismo di trasporto ematico di SARS-CoV-2 e di un nuovo, ulteriore recettore virale (SR-B1) possa tradursi, in un prossimo futuro, nella messa a punto di uno o più protocolli terapeutici che prendano specificamente di mira la complessa interazione tra virus, colesterolo e HDL.

afferma Di Guardo

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)

Coronavirus e visoni



Con una [lettera al Direttore di Quotididiano Sanità](#) il Prof. Giovanni Di Guardo, Docente di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria presso l'Università di Teramo – Facoltà di Medicina Veterinaria, affronta la possibilità che i visoni, oltre

ad esser naturalmente suscettibili nei riguardi dell'infezione da SARS-CoV-2, siano in grado di ritrasmettere il virus all'uomo e le preoccupazioni conseguenti alla mutazione del virus avvenuta in questi mustelidi anche per la protezione conferita dai futuri vaccini anti-SARS-CoV-2/CoViD-19 nei riguardi di tale variante virale.

“Mentre si rimarca la necessità e la cogenza di ricerche “ad hoc”, da un lato, andrebbe parimenti sottolineato, dall'altro, che SARS-CoV-2 – il settimo coronavirus noto nella nostra specie – avrebbe, da un punto di vista strettamente “evolutivo e conservazionistico” (dove gli aggettivi “evolutivo” e “conservazionistico” vanno intesi come specificamente riferiti all'agente virale, non a noi!), scarso interesse ad infettare “nuovi” animali, allorquando il “salto di specie” dallo stesso compiuto, “illo tempore”, dal pipistrello all'uomo (passando probabilmente attraverso una specie “intermedia”, non ancora identificata a tutt'oggi), lo

ha messo in condizione di infettare, potenzialmente, ben 8 miliardi di persone, un vero e proprio "bingo"!"

afferma il Prof. Di Guardo.

I cluster di infezione Covid-19 tra i lavoratori



L'emergenza Covid-19 ha causato profonde ripercussioni sanitarie, sociali ed economiche a livello globale, senza precedenti, con effetti a medio e lungo termine difficilmente quantificabili per i livelli elevati di incertezza che condizionano l'origine,

l'epidemiologia, la clinica e la terapia, incluso i vaccini.

Non ne è immune la catena di approvvigionamento alimentare che ha subito effetti distorsivi non previsti a partire dalla produzione primaria attraverso le fasi successive della filiera fino alla distribuzione e commercio di prodotti alimentari.

In questo contesto, aggravato dai focolai di contagio umano Covid-19 verificatesi nei macelli e impianti di sezionamento carni, sull'industria delle carni si sono accessi i riflettori dei media e della società (tra interessi e posizioni contrapposte, a volte animate da estremismi alimentari e politicizzazioni) per le preoccupazioni indebitamente amplificate circa il ruolo potenziale degli

animali da reddito e dei prodotti da essi derivati (es. carni) nella trasmissione dell'infezione Covid-19 all'uomo.

Il tema è stato affrontato dal Presidente SIMeVeP, Antonio Sorice e dal Coordinatore scientifico SIMeVeP, Maurizio Ferri, nell'articolo ["I cluster di infezione Covid-19 tra i lavoratori"](#) pubblicato sul n°2/2020 di Argomenti.

Sorice: Tamponi? Mettiamo un veterinario in ogni task force

"Sarebbe opportuno un Medico Veterinario in ogni Task Force, a livello ministeriale, regionale e in ogni ASL" questa la risposta del Presidente SIMeVeP, Antonio Sorice, alla proposta del Presidente della Regione Veneto, Luca Zaia, di affidare ai medici veterinari la somministrazione dei tamponi per il rilevamento di SARS-CoV-2 negli uomini.

"I veterinari del Sistema Sanitario Nazionale sono coinvolti a supporto della professione medica nell'emergenza COVID-19 sin dai primissimi giorni dell'epidemia, ma il tampone agli esseri umani è una pratica che il veterinario non può svolgere. Il punto è che la veterinaria andava coinvolta, sin dall'inizio, per quello che sono le proprie competenze ed esperienze decennali nel campo delle malattie infettive e delle epidemie. Il nostro apporto sarebbe utile in termini di approccio, metodologia e azioni da mettere in campo per contrastare l'emergenza. Da questo punto di vista siamo sempre disponibili perché quando il Paese chiama i Veterinari rispondono... sempre!!!" ha detto Sorice in un video intervento per RCS Salute.

