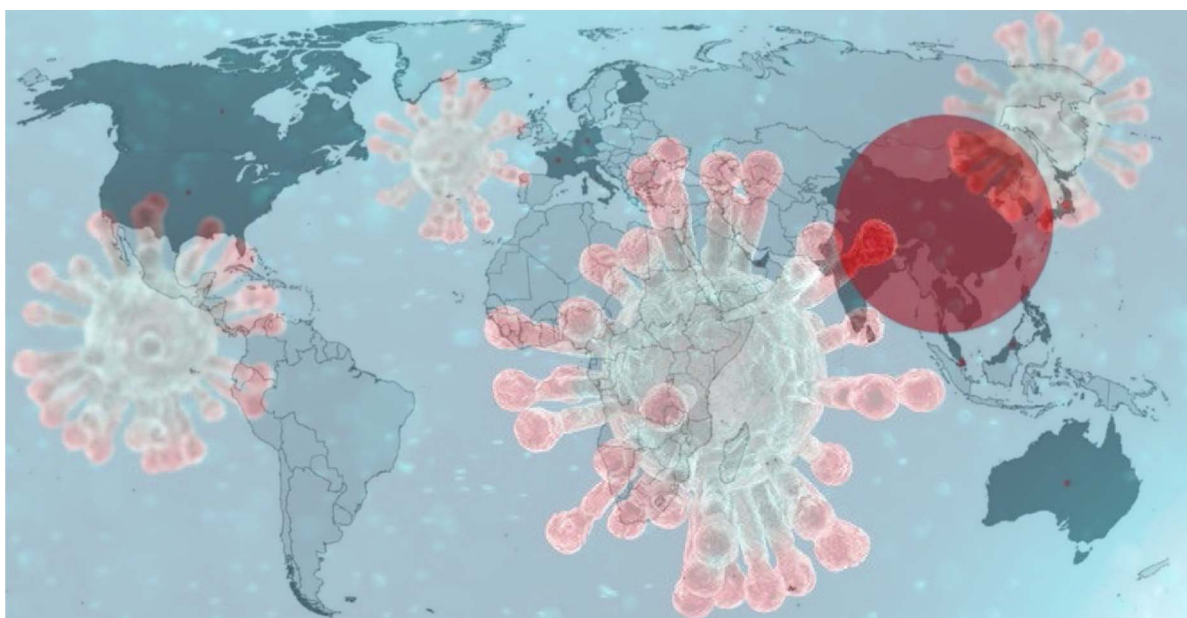


2019-nCoV: cosa sappiamo di questa nuova epidemia da un punto di vista epidemiologico e virologico

di Filippo Tatullo e Alessandra Ruggiero

Parole Chiave: Epidemia, Influenza, Medicina, Pericolo, Italia, Attualità

<https://informa.airicerca.org/2020/01/31/2019-ncov-cosa-sappiamo-di-questa-nuova-epidemia/>



Esattamente un mese fa, 31 Dicembre 2019, le autorità sanitarie cinesi hanno notificato un focolaio di casi di polmonite ad eziologia non nota nella città di Wuhan (Provincia dell’Hubei, Cina). Il Centers for Disease Control and Prevention (CDC) Cinese ha successivamente identificato, tramite tecniche di isolamento virale, microscopia elettronica e sequenziamento del genoma, un nuovo coronavirus (2019-nCoV) come causa eziologica di queste patologie [1].

I coronavirus sono una famiglia di virus che prendono il nome dalla loro forma che assomiglia a quella di una corona (Fig 1). Fino ad ora sono stati identificati 6 coronavirus capaci di causare malattia nell'uomo. Tra questi, i più noti a causa di recenti focolai d'infezione sono la SARS (Severe Acute Respiratory Syndrome) e la MERS (Middle East Respiratory Syndrome).

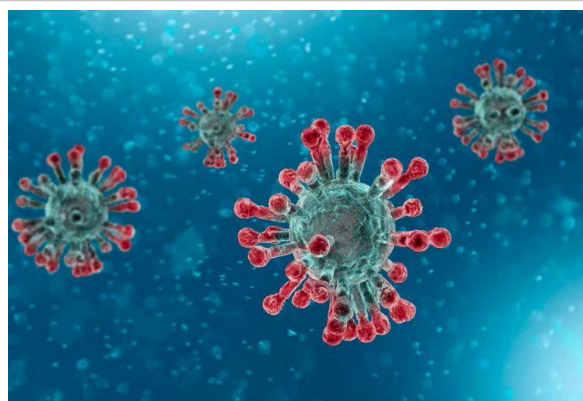


Figura 1 – Coronavirus (Immagine presa dal sito dell'Associazione Umberto Veronesi).

Essendo 2019 nCoV un nuovo virus, le informazioni disponibili sono ancora poche e in continuo aggiornamento. Sembra ormai accertato che abbia un periodo di incubazione di 1-14 giorni e causi sintomi simil influenzali (febbre, tosse e stanchezza) che possono sfociare in polmoniti e difficoltà respiratorie e nei casi più gravi possono portare alla morte. Ad oggi, 31 Gennaio 2020, i casi confermati sono 9834 casi confermati e 213 morti solo in Cina (Fig. 2), l'epidemia sembra progredire senza sosta (una mappa aggiornata dei casi confermati a livello globale può essere consultata qui:

<https://gisanddata.maps.arcgis.com/apps/opsdashboard/index.html#/bda7594740fd40299423467b48e9ecf6>).



Figura 2 – Dati epidemiologici aggiornati al 31 Gennaio.

Facendo un paragone con le passate epidemie di coronavirus, la SARS aveva una mortalità intorno al 10% mentre la MERS era vicina al 35%. Un altro dato interessante è il valore R0, che indica quante persone un individuo infetto è in media in grado di contagiare. Due ricerche, una condotta dall'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) e una dall'Imperial College di Londra, stimano questo valore essere rispettivamente di 1.4-2.5 e 2.6 [2,3]. Continuando a fare un paragone con le precedenti epidemie di coronavirus, il valore R0 è

rispettivamente di 2-5 per la SARS e inferiore a 1 per la MERS.

L'epidemia sembra aver avuto origine dal mercato del pesce (e animali selvatici vivi) Huanan della città di Wuhan in Cina, anche se la fonte di origine dell'infezione non è stata ancora individuata. Poiché il virus è stato isolato e sequenziato le prime analisi del genoma virale hanno fatto pensare che il virus abbia avuto origine da un serpente in particolare il cobra cinese [4]. In realtà, come sostenuto da vari ricercatori, prove certe sulla sua origine non sono ancora state ottenute [5]. Le analisi genetiche hanno inoltre confermato una somiglianza del virus con quello della SARS arrivando addirittura a raggiungere una percentuale di somiglianza del 86% con un virus simil SARS isolato da pipistrelli.

Un altro studio, pubblicato su Lancet, analizzando una famiglia con casi infetti ha confermato l'ipotesi che il virus possa trasmettersi da uomo a uomo. Purtroppo però ha anche dimostrato che esistono individui infetti asintomatici [6]. Rimane tuttavia da chiarire il rapporto tra casi sintomatici e asintomatici e se questi portatori asintomatici siano in grado di trasmettere il virus a individui suscettibili. Questi dati ovviamente dimostrano il fatto che il numero reale delle persone infette è più alto di quello fornito dalle autorità cinesi.

Il virus è stato esportato anche al di fuori della Cina, in particolare in altre 22 nazioni compresa l'Italia (Stati Uniti, Filippine, Italia, Francia, Germania, Singapore, Giappone, Macao, Hong Kong, Taiwan, Cambogia, Canada, Sri Lanka, Emirati Arabi Uniti, Finlandia, Vietnam, Nepal, Thailandia, Vietnam, Malesia, Australia e Sud Korea) e l'OMS dopo un primo tentennamento ha dichiarato l'emergenza globale (Fig. 3). Gli ultimi aggiornamenti hanno purtroppo riportato anche i primi casi di trasmissione uomo-uomo al di fuori della Cina e nello specifico in Germania e Stati Uniti.

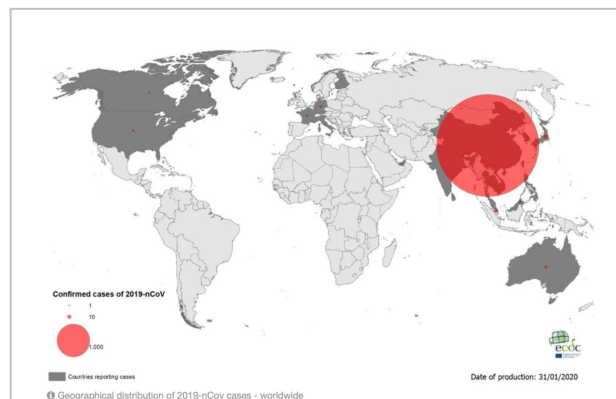


Figura 3 – Distribuzione dei casi confermati di 2019-nCoV al 31 Gennaio 2020. Fonte: ECDC.

Poiché nè farmaci, nè vaccini sono al momento disponibili per fermare l'epidemia, tutti gli sforzi sono dirottati nel cercare di isolare e contenere il virus. Proprio per questo dieci città (per un totale di circa 56 milioni di persone) sono state isolate in Cina e un ospedale con mille posti letto, che si occuperà di trattare esclusivamente i casi infetti da questo nuovo coronavirus, sarà costruito.

Cosa fare dunque? Sicuramente evitare di andare in Cina e evitare contatti con chi è tornato di recente da un viaggio in una zona epidemica. Infine altri accorgimenti da adottare sono quei semplici gesti di igiene come lavarsi spesso le mani e starnutire o tossire in un fazzoletto da buttare immediatamente. Inoltre, se sentite il bisogno di essere visitati da un medico, NON recatevi per alcun motivo nei pronto soccorso o negli studi medici ma chiamate un medico che venga a casa. Gli accorgimenti descritti sopra dovrebbero essere seguiti anche durante la stagione influenzale per evitare di contrarre il virus.

In conclusione, per questa epidemia di 2019 nCoV è importante tenere a mente i seguenti punti:

- Il virus si trasmette probabilmente tramite aerosol che si formano in seguito a starnuti o colpi di tosse.
- Il virus causa sintomi simili a quelli influenzali come febbre, tosse e stanchezza, ma può presentarsi raramente anche in maniera più aggressiva sottoforma di polmoniti, difficoltà a respirare e morte.
- La prevenzione consiste principalmente nell'evitare viaggi in Cina, evitare contatti con persone infette, stare a casa se si è malati, lavarsi spesso le mani e starnutire o tossire in un fazzoletto da buttare immediatamente.

Bibliografia

- [1] Zhu, N. et al. (2020) A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, N. Engl. J. Med. NEJMoa2001017.
- [2] Report 3 Transmissibility of 2019-nCoV Imperial College London.
- [3] Zhu, N. et al. (2020) Statement on the meeting of the International Health Regulations (2005) Emergency Committee regarding the outbreak of novel coronavirus 2019 (n-CoV) on 23 January 2020.
- [4] Ji, W., Wang, W., Zhao, X., Zai, J. & Li, X. (2020) Homologous recombination within the spike glycoprotein of the newly identified coronavirus may boost cross-species transmission from snake to human, J. Med. Virol.
- [5] Callaway, E. & Cyranoski, D. (2020) Why snakes probably aren't spreading the new China virus, Nature.
- [6] Khan, J. F.-W. et al. (2020) A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster, Lancet.

Autore: Filippo Tatullo

Nato nel 1986 consegue la laurea triennale in biotecnologie presso l'Università del Salento e la laurea specialistica in biotecnologie mediche e farmaceutiche presso l'Università di Firenze lavorando con il virus influenzale pandemico H1N1 del 2009. Inizia così la sua passione per la virologia e dopo un breve periodo all'Università di Verona e all'Università di Innsbruck ottiene un Master by Research in clinical science all'Università di Liverpool. Attualmente svolge un dottorato di ricerca presso l'Università di Liverpool e il National Institute of Mental Health And Neuro Science (NIMHANS) di Bangalore lavorando con il virus dell'encefalite giapponese e il virus Dengue.

Autore: Alessandra Ruggiero

Info sui Revisori di questo articolo

- **Luca Cassetta**, PhD in Immunologia Molecolare, lavora all'Università di Edimburgo (UK) ed è Presidente dell'Associazione AIRIcerca.
- **Federico Forneris**, PhD in Biologia Molecolare e Strutturale, è professore associato presso l'Università di Pavia (IT).