

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 tipologie di mutazione e, senza entrare troppo nei “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 spiccata virulenza e/o un'accresciuta capacità di 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 siede 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