

Le nuove, intriganti traiettorie di SARS-CoV-2 nel mondo animale



E' di poche settimane fa la notizia relativa ad un ulteriore ampliamento del già ampio spettro d'ospite posseduto dal betacoronavirus SARS-CoV-2, il famigerato agente responsabile della pandemia da CoViD-19.

Nello specifico, ben 6 nuove specie di mammiferi selvatici (opossum, procione, marmotta, topo cervo, silvilago orientale e pipistrello rosso) si sono aggiunte all'elenco di quelle, sia domestiche sia selvatiche, già dichiarate suscettibili nei confronti dell'infezione da SARS-CoV-2, mentre una sin qui inedita mutazione sarebbe stata descritta a carico del gene codificante per la "Spike (S) protein" – grazie alla quale si realizza l'interazione del virus con il recettore ACE2 posto sulla superficie delle cellule-ospiti – nell'opossum, analogamente a quanto avvenuto verso la fine del 2020 nei visoni degli allevamenti danesi e olandesi per il ceppo virale denominato "Cluster 5".

E come non citare, in proposito, il ben noto caso dei cervi a coda bianca (*Odocoileus virginianus*) statunitensi nella cui popolazione il virus, previamente acquisito da *Homo sapiens sapiens* (c.d. "spillover"), si sarebbe diffuso in lungo e in largo per "ritornare" successivamente all'uomo (c.d. "spillback" o "zoonosi inversa") in forma mutata, come già accaduto nei visoni d'allevamento in Danimarca e nei Paesi Bassi?

A fronte dell'elevato e progressivamente crescente numero di specie suscettibili nei confronti dell'infezione dal SARS-CoV-2, che a tutt'oggi supererebbe le 50 unità, ciò che maggiormente preoccupa (o, per meglio dire, ci dovrebbe preoccupare) è la distanza filogenetica esistente fra le stesse, che in una normale dinamica d'interazione ospite-parassita (ospite-virus, nella fattispecie) costituisce un fondamentale determinante biologico e prerequisito rispetto alla cosiddetta "barriera di specie".

Quest'ultima, nel caso del betacoronavirus responsabile della CoViD-19, sarebbe definita dal livello di omologia esistente fra il recettore ACE2 umano e quello della specie animale di volta in volta considerata, con particolare riferimento alla regione/sequenza del succitato recettore direttamente interagente con il "*receptor-binding domain*" (RBD) situato all'interno della (glico)proteina S del virus.

Evidentemente, nello specifico caso di SARS-CoV-2, questa barriera di specie risulterebbe oltremodo "permeabile", così da consentire il trasferimento dell'agente virale a numerose specie animali (anche) filogeneticamente distanti fra loro, una situazione quest'ultima che risulterebbe esacerbata dal progressivo quanto persistente emergere di nuove varianti e sottovarianti virali sempre più diffusive e contagiose (vedi, a puro titolo esemplificativo, quelle più recenti denominate "FLiRT" quali JN.1, KP.2, KP.3 e LB.1).

In un siffatto contesto, va da sé che il rischio relativo all'emergere di nuove varianti possa risultare sensibilmente accresciuto dal passaggio del virus a nuove specie animali, soprattutto in ambito selvatico – ove le dinamiche evolutive del rapporto ospite-parassita risulterebbero oggettivamente più difficili da controllare -, parallelamente a quanto sta avvenendo anche nel caso del virus dell'influenza aviaria A(H5N1), che in virtù dei recenti quanto numerosi "salti di specie" dallo stesso operati potrebbe acquisire la capacità (sin qui non ancora dimostrata, per nostra fortuna) di

diffondersi in maniera efficace da uomo a uomo.

A tal proposito, come ben si sa, più un agente virale replica all'interno delle cellule di una determinata specie sensibile nei confronti dello stesso, maggiore diviene la probabilità che si realizzino, di pari passo, eventi mutazionali a carico del proprio genoma, con la conseguente comparsa di varianti più diffuse e contagiose di quelle precedenti.

Ciò descrive con esattezza quel che è accaduto, sta tuttora accadendo e, con ogni probabilità, continuerà ad accadere nel caso di SARS-CoV-2, un betacoronavirus il cui genoma consta di circa 30.000 nucleotidi, con una frequenza di mutazioni (sia "silenti" o "sinonime" che "non silenti" o "non sinonime") pari all'incirca ad una ogni 10.000 basi azotate coinvolte in ciascun ciclo replicativo virale.

In ultima analisi, la notevole "plasticità" di SARS-CoV-2, che ha già consentito e continua a permettere al virus di trasferirsi ad un così elevato e crescente numero di specie animali domestiche e selvatiche, anche filogeneticamente distanti le une dalle altre, costituirebbe a mio avviso un ulteriore elemento a favore dell'origine naturale di SARS-CoV-2, visto e considerato che un siffatto comportamento mal si concilierebbe in termini di plausibilità biologica con quello di un agente creato artificialmente in laboratorio.

Concludo queste mie riflessioni e considerazioni ponendo in particolare risalto, ancora una volta (e mai abbastanza, comunque!), la fondamentale rilevanza del concetto/principio della One Health – la salute unica di uomo, animali ed ambiente – non soltanto nella complessa ed articolata gestione eco-epidemiologica dell'infezione da SARS-CoV-2 – così come di quella da virus dell'influenza aviaria A(H5N1) -, ma in generale di tutte le c.d. "malattie infettive emergenti", il 70% delle quali, è bene ricordarlo, riconoscono la loro origine, comprovata o sospetta che sia, in uno o più serbatoi animali.

Giovanni Di Guardo, DVM, Dipl. ECVP

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