

Studi su H5N1, mutazioni adattative nei bovini aumentano il rischio zoonotico



Due studi pubblicati su *Nature Communications* hanno evidenziato risultati “preoccupanti” sulla **capacità del virus dell’influenza aviaria H5N1 di adattarsi ad altre specie**, in particolare nei bovini, sottolineando la necessità di sorveglianza continua per evitare e prevenire eventuali salti di specie.

Dal primo caso nei bovini statunitensi nel 2024, sono stati confermati focolai in 1.084 allevamenti distribuiti in 19 stati, con 71 casi umani che hanno causato due decessi. Recentemente, inoltre, è stato identificato [un caso in Europa](#), nei Paesi Bassi. Questi numeri testimoniano l’ampiezza della diffusione virale e la realtà del rischio zoonotico, sebbene la trasmissione interumana efficiente non sia ancora stata documentata.

Il primo studio ha esaminato il genotipo B3.13 di H5N1, che circola negli allevamenti di bovini da latte statunitensi dal 2024. I ricercatori hanno scoperto diverse mutazioni che potenziano la replicazione in cellule bovine e umane,

evidenziando un processo evolutivo attivo che facilita la diffusione virale nelle mucche.

Una mutazione specifica (PB2 M631L) è stata rilevata in tutte le sequenze virali studiate, mentre un'altra (PA K497R) è apparsa in circa il 95% dei campioni analizzati. La prima è stata descritta come “la mutazione adattativa chiave” che ha permesso al genotipo B3.13 di replicarsi efficacemente nei bovini.

Ulteriori mutazioni identificate (PB2 E627K e PB2 D740N) indicano un adattamento continuo per ottimizzare la funzione della polimerasi virale nei bovini. Aspetto particolarmente rilevante, queste mutazioni sembrano avere impatto scarso o nullo sulla replicazione negli uccelli, suggerendo che potrebbero essere mantenute anche dopo possibile ritorno nel *reservoir* avicolo.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: vet33