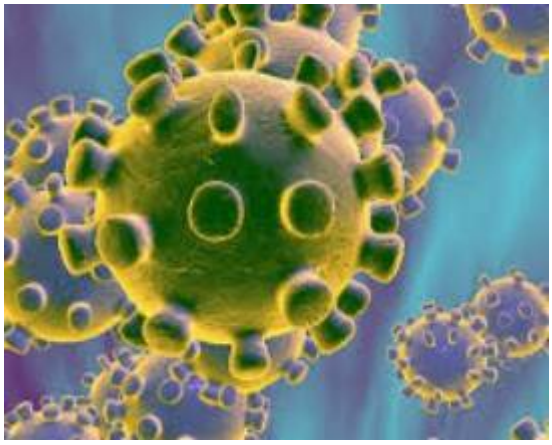
AbruzzoWeb
Tutte le notizie d'Abruzzo a portata di click

CORONAVIRUS: ”MUTA POCO, PIU’ FACILE TROVARE FARMACI E VACCINI, INDIVIDUATI 8 CEPPI GENETICI”

14 Aprile 2020



ROMA – Il coronavirus SarsCoV2 muta molto lentamente e questo rende molto più facile la collaborazione internazionale per mettere a punto farmaci e vaccini.

Lo indica l’analisi dei dati genetici condotta in Italia, che ha individuato otto ceppi provenienti da diverse aree, tutti simili a quello originario cinese e nessuno più aggressivo di quello originario.

La ricerca, pubblicata sul sito bioRxiv, si deve all’Istituto di biomembrane, bioenergetica e biotecnologie molecolari del Consiglio nazionale delle ricerche (Cnr-Ibiom) di Bari, che ha collaborato con le università di Bari e Statale di Milano.

Sono state analizzate oltre 1.100 sequenze genetiche provenienti da Cina, America e Europa utilizzando la piattaforma bioinformatica Elixir del nodo italiano dell’infrastruttura di ricerca europea per le Scienze della vita.

“Tutti i sottotipi virali definiti sulla base del confronto delle sequenze del genoma, sembrano avere una comune origine in Cina, anche se provenienti da focolai distinti”, osserva il coordinatore della ricerca, Graziano Pesole del Cnr-Ibiom e dell’Università di Bari.

“I risultati della ricerca – ha aggiunto – hanno identificato almeno otto sottotipi virali distinti con una diversa prevalenza in differenti regioni del nostro pianeta. Tre distinti sottotipi di virus comprendono più del 70% di tutti i genomi virali finora sequenziati, mentre due soli sottotipi virali annoverano il 72% e il 74 di tutti i virus isolati in Europa e in America”.

Quello che emerge, ha osservato, è “una marcata omogeneità genetica di tutti i genomi virali analizzati. L’assenza di evidenze che supportino l’insorgenza di diversi tipi virali più aggressivi del ceppo cinese originario fa sì che la disomogeneità riscontrata nelle diverse aree geografiche sia dovuta alla rapida diffusione di sottotipi virali diversi, importati in maniera indipendente nei diversi continenti”.

Le variazioni osservate sono avvenute in parti del genoma del virus che non controllano la produzione di proteine e “suggeriscono che le differenze tra i diversi genomi non evidenziano un processo di evoluzione del ceppo virale, e che quindi non risultano responsabili dell’origine di un ceppo virale mutato e potenzialmente più virulento. Questo – ha rilevato Pesole – consente di mettere a fattor comune, su scala internazionale, gli studi in corso per mettere in campo approcci terapeutici mirati e vaccini efficaci”.

© 2026 Abruzzo Web Enfasi srl - Quotidiano digitale registrato presso il Tribunale dell'Aquila con decreto n°501 del 2 settembre 2003
Iscrizione al ROC n. 26362 - P.IVA 01812420667
Direttore responsabile Berardo Santilli