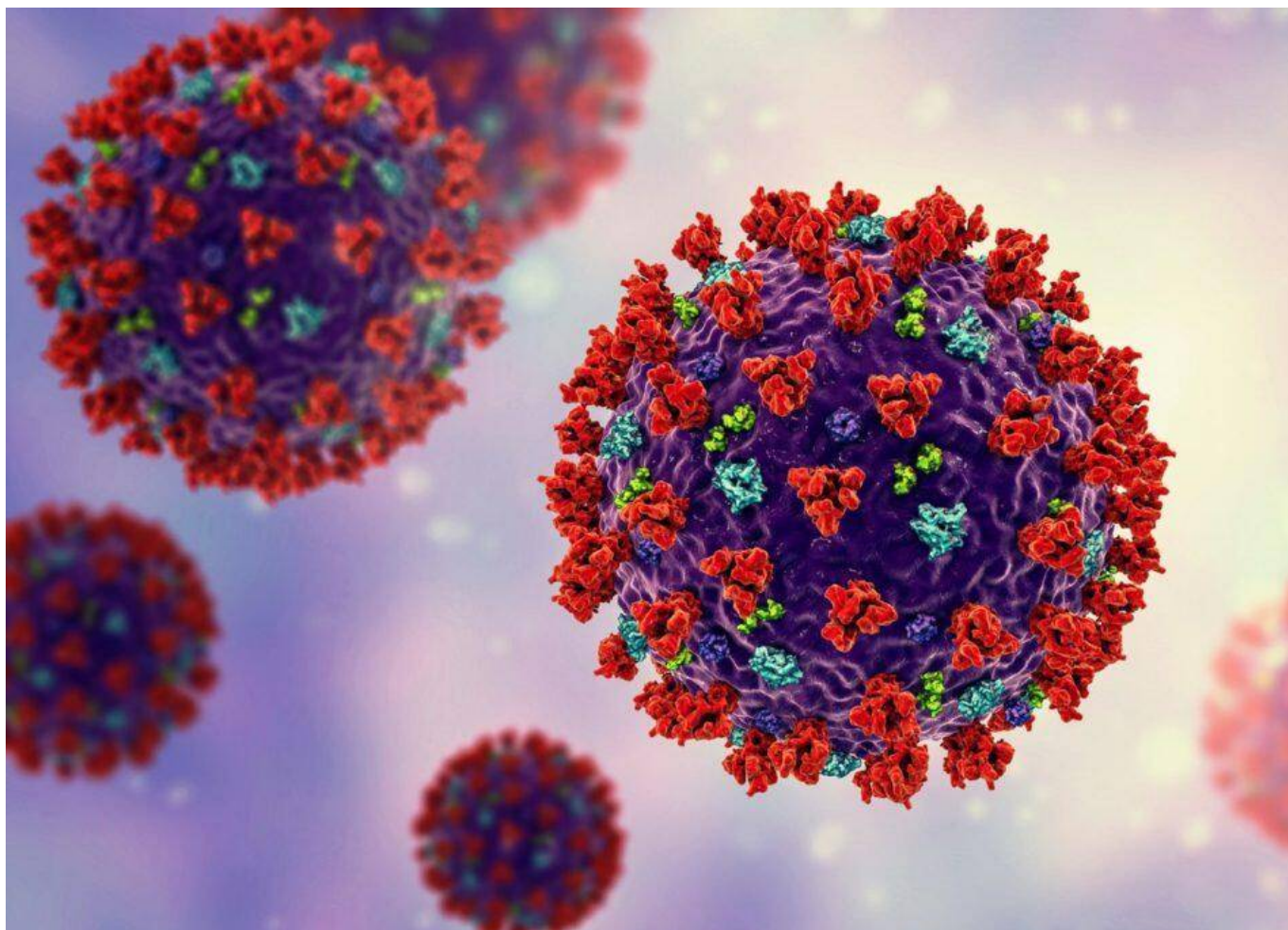


COVID, CONFERMATA ORIGINE TRA SETTEMBRE E NOVEMBRE 2019

26 Marzo 2021



ROMA - L'origine del virus SarsCoV2 è confermata fra settembre e novembre 2019: lo indica la ricerca italiana pubblicata sulla rivista *Molecular Biology and Evolution* che, grazie all'analisi di oltre 180.000 sequenze del virus raccolte in tutto il mondo e conservate nelle banche genetiche internazionali, ne ha ricostruito l'evoluzione.

Un risultato non associato a dati epidemiologici o clinici, ma sufficiente a indicare che il virus "continuerà a evolvere e mutare il proprio genoma" e che indica la necessità di una campagna nazionale di sequenziamento, rileva Graziano Pesole, dell'Istituto di biomembrane, bioenergetica e biotecnologie molecolari del Consiglio Nazionale delle Ricerche (Cnr-Ibiom) di Bari, che ha condotto la ricerca in collaborazione come Università di Bari e Statale di Milano e con il supporto della piattaforma bioinformatica messa a disposizione dal nodo italiano dell'infrastruttura di ricerca europea Elixir per le scienze della vita, Elixir Italia.

La tecnica messa a punto nella ricerca ha permesso di identificare "a diversi intervalli di tempo durante il corso della pandemia, un insieme di mutazioni nel genoma virale ad elevata prevalenza e che rimangono stabili", osserva Pesole. Il metodo permette cioè di identificare se un genoma virale contiene due o più mutazioni caratteristiche e prevalenti (aplotipo). I genomi analizzati, isolati in Cina tra il 26 dicembre 2019, e il 20 gennaio 2020, sono stati confrontati tra loro ed è emerso che il tasso di mutazione del virus SarsCov2 è "leggermente inferiore" rispetto a quello di altri virus della stessa famiglia. Sono state inoltre identificate "le varianti genetiche di diversi sottotipi, ciascuno dei quali associato a una certa prevalenza geografica".

Analisi più aggiornate, basate su oltre 800.000 genomi, suggeriscono che attualmente siano in circolazione in tutto il mondo

almeno 119 tipi di genomi virali (aplogruppi) del SarsCoV2 e oltre 72.000 mutazioni. Inoltre “lo studio ha consentito inoltre di confermare l’ipotesi che la diffusione del virus sia da pre-datare tra settembre e novembre 2019”, dice Pesole. I ricercatori rilevano infine che la diversità genetica osservata nel virus “non dovrebbe essere associata a particolari cambiamenti delle dinamiche del contagio o della sensibilità ai vaccini” e che un numero molto limitato di varianti, anche emerse recentemente, potrebbero essere il risultato di un’evoluzione adattativa e che al momento non è possibile escludere siano associate a forme più efficienti del virus.