

VIRUS CINA E' ARRIVATO ALL'UOMO DAI SERPENTI, LO INDICA ANALISI MAPPA GENETICA

23 Gennaio 2020



ROMA - Il virus cinese 2019-nCoV è arrivato all'uomo dai serpenti: sarebbero questi gli animali nei quali il virus, trasmesso dai pipistrelli, si sarebbe ricombinato e poi passato all'uomo.

Lo indica l'analisi genetica pubblicata sul Journal of Medical Virology da Wei Ji, Wei Wang, Xiaofang Zhao, Junjie Zai, e Xingguang Li, delle università di Pechino e Guangxi.

La ricerca, riporta l'*Ansa*, è stata condotta su campioni del virus provenienti da diverse località della Cina e da diverse specie ospiti. Come è accaduto in passato con i virus dell'influenza aviaria e con la Sars, anche questa volta l'indice è puntato sui mercati di animali vivi molto comuni in Cina, dove accanto agli animali allevati nelle fattorie e ai pesci si vendono animali selvatici, come serpenti e pipistrelli.

"I risultati della nostra analisi evolutiva suggeriscono per la prima volta che il serpente è il più probabile animale selvatico serbatoio del virus 2019-nCoV", scrivono i ricercatori.

Le analisi genetiche aggiungono così una tessera fondamentale al mosaico della composizione genetica del virus 2019-nCoV, nel quale finora era chiaramente riconoscibile solo la sequenza della parte di virus ereditata dai pipistrelli e identificata fin dall'inizio come appartenente alla famiglia dei coronavirus, la stessa che comprende il virus della Sars, comparso nel 2002, e della Mers, del 2015; restava da risolvere il mistero della provenienza dell'altra metà del virus.

Adesso è chiaro che il virus 2019-nCoV è un mix di un coronavirus proveniente dai pipistrelli e di uno che arriva dai serpenti

e che da questi ultimi sarebbe passato agli esseri umani, adattandosi al nuovo ospite e acquisendo la capacità di trasmettersi da uomo a uomo. Ricombinandosi geneticamente nei serpenti, quindi, il nuovo virus ha fatto il cosiddetto 'salto di specie', acquisendo nuovi recettori che gli permettono di legarsi alle cellule del sistema respiratorio umano.

“Le nuove informazioni ottenute dalla nostra analisi evoluzionistica – rilevano i ricercatori – sono molto importanti per il controllo dell’epidemia causata dalla polmonite indotta dal virus 2019-nCoV”.